

上海交通大学

博士学位论文

基于内容的肝脏CT图像检索的研究

姓名：赵晨光

申请学位级别：博士

专业：生物医学工程

指导教师：庄天戈

20050101

## 基于内容的肝脏 CT 图像检索的研究

### 摘 要

传统的医学图像检索方法是基于文本的检索,即根据图像的序列号、病人住院号、诊断报告等文本字段查询所需图像。它需要对医学图像人工提取注解,而人工提取注解存在不可重复性、易受主观影响、工作量大、提取信息不完全等缺点。因此基于文本的检索限制了医学图像信息在医学领域的应用。基于内容的图像检索(Content Based Image Retrieval, CBIR)可以克服基于文本的检索的以上缺点,为更充分地利用可视听媒体数据库中的信息打开了突破口。它利用图像处理技术,从图像中提取颜色、形状、纹理、拓扑等特征,构成描述图像内容的特征向量。在图像检索时,CBIR系统根据检索图的特征向量在数据库中查找最接近的一组特征向量,并将相对应的原始图像提供给医生。

医学CBIR是CBIR技术在医学领域的应用,它具有许多不同于常规CBIR技术的特点:①医学CBIR技术的研究需要将图像处理技术和医学影像学知识紧密结合。②大部分医学图像是灰度图(除彩超或病理切片),因此常规CBIR技术中常用的颜色特征不适用。③医学图像的内容通常是指病变部位的生理病理信息通过一定的成像模式所表现出的视觉特征,而病灶区域在整幅医学图像中通常只占较小的面积,因此在医学CBIR系统中需要结合的恰当的图像分割模块;同样的原因,在常规CBIR系统中常用的全局特征如灰度直方图不适用于医学领域。因此,CBIR技术在医学领域的成功应用需要适合于特定解剖部位和成像模式的图像分割和特征提取算法。

本研究对肝脏 CT 图像的基于内容的检索技术进行了较为深入的探讨。在本文中,肝脏 CT 图像的内容是指肝脏的影像表现,包括肝脏的形态特征和肝脏病灶的纹理特征。肝脏 CT 图像的基于内容的检索过程就是检索图与其它图像之间针对这两种特征的匹配过程。为此,本文提出和设计了包括肝脏区域的分割、病灶区域的识别、基于肝脏形态特征的检索、基于肝脏病灶特征的检索等一整套相关算法:

本文对腹部 CT 图像中肝脏的分割和病灶的提取进行了探讨。图像分割是医学 CBIR 系统的关键技术之一,本文提供了基于数学形态学原理的分水岭算法和基于可形变模型的 snake 轮廓提取算法用于肝脏区域的分割。肝脏区域内病灶的提取是基于有限混合器模型的像素分类算法。

本文对肝脏形态特征的提取和基于肝脏形态特征的检索进行了探讨。描述一幅肝脏 CT 图像内容的特征主要包括肝脏的大小形态、病变的大小位置和纹理特征。关于肝脏的形态特征,本文对肝脏的大小、肝脏的形状规则性、边缘规则性、肝裂的情况提出了描述算法。这些形态特征是基于肝脏形态特征的检索的依据。

本文对肝脏病变区域的特征提取和基于病变区域特征的检索进行了探讨,本文尝试了利用共生纹理、Gabor 纹理、以及小波纹理分析方法提取病变区域的特征作为检索时内容匹配的依据。以查全率和查准率为标准,本文对基于各种特征的检索方法进行了评判。

在以上算法的基础上,本文设计了一种肝脏CT图像的检索系统(HCBIR)。HCBIR主要包括两个工作流程:图像存储和图像检索。在图像存储过程中,首先通过相关的图像分割算法从肝脏CT图像中分割出肝脏和病灶区域,然后提取肝脏和病灶区域的形态和视觉特

征，构成特征向量。最后将图像和相应的特征向量一起存入数据库。在图像检索时，医师首先指定一幅具有某种影像表现的样图。同存储过程一样，系统从样图提取特征向量。然后利用一定的特征匹配算法从数据库中检索出一组最接近的特征向量并将相应的CT图像显示到用户界面。

本研究的创新之处在于：

◇ 本文对肝脏 CT 图像的基于内容的检索进行了较为深入的研究，提出和设计了包括感兴趣区域的分割、特征分析和基于内容的检索等一整套相关算法。并根据这些算法设计了 HCBIR 系统，为肝脏 CT 图像领域中 CBIR 技术的实际应用作了铺垫。

◇ 在肝脏 CT 图像分割模块中，本文对传统的分水岭算法进行了改进，定义了一种新的分水岭区域之间的差异性度量方法，引入了权值表的概念，实现了适合于肝脏区域分割的多级分水岭算法。

◇ 提出了基于肝脏形态特征的腹部 CT 图像检索算法。这些形态特征包括肝脏的大小、肝脏的形状规则性、边缘规则性、以及肝裂增宽的情况。

◇ 提出了基于肝脏病灶特征的腹部 CT 图像检索算法。本文利用 Gabor 分析方法和小波分析方法定义了相关的特征向量，用于提取肝脏病灶区域的纹理特征。这些特征向量是基于肝脏病灶特征的检索的依据。

基于内容的腹部 CT 图像检索是基于文本检索的必要补充，它即能够根据样图从图像数据库中检索出具有相同影像表现和疾病信息的一组图像，也可以搜索出具有不同疾病但却包含相似影像表现的图像集。它是对依据病例的诊断和计算机辅助诊断的支持，可提高诊断的准确率；它对肝病医学研究和影像学教学具有指导作用，可作为一种有效的资料检索和医学统计手段；另外，它的一种额外好处是通过对肝脏的形态、病灶位置、大小、纹理的分析，可实现腹部 CT 影像报告的自动生成。

本文受国家自然科学基金资助（No. 60272081）

关键词：基于内容的图像检索 医学图像检索 肝脏 CT 图像 内容检索 特征提取

# CONTENT BASED HEPATIC CT IMAGE RETRIEVAL

## ABSTRACT

Traditionally, people use text-based searches to retrieve medical images by matching exactly database fields or image annotations. Text-based queries need doctors to manually annotate the medical images, and manual annotation has several disadvantages, such as unrepeatability, being sensitive to subjective influence, generating heavy workload and tending to extract visual information incompletely. Therefore, text-based methods have limited the application of medical images in diagnostics, teaching and research. Content-based image retrieval (CBIR) techniques can overcome the difficulties that text-based methods encountered. It opens a new vista to medical service to utilize the visual information provided by medical images. Generally, CBIR query images using attributes such as the color, shape, texture and object position. In retrieval, user can provided a query image, and the features of the query image is input to a matching engine to find images from the database with similar features.

Within the medical domain, the implementation of CBIR systems is quite different from generic CBIR systems, including: 1. A very close cooperation between the image processing field and radiology is necessary. 2. Most medical images, except color ultrasound and microscopic slides, are represented in gray scale. Color indexing techniques frequently used in CBIR thus cannot be applied. 3. For medical images, their content usually refers to the visual features of the diseased region. Clinically useful information is always manifested in highly localized regions in medical images. Thus, proper segmentation algorithms are needed in medical CBIR systems to facilitate the identification and analysis of the pathology bearing regions (PBR's). For the same reason, global features such as gray level histogram cannot be used in medical application. Therefore, more specific image segmentation and feature extraction algorithms with respect to different imaging modalities and anatomical parts must be developed for CBIR technique to become success in medical domain.

In this dissertation, content-based query techniques for hepatic CT image are investigated in detail. Here, the content of a hepatic CT image refers to the CT manifestation of the liver area, including morphological features of the liver and visual texture features of the PBR within it. For a given sample image, the content-based query help to find a group of images with similar morphological features or texture features. To realize this functionality, several related algorithms, including liver segmentation, PBR identification, morphological feature based retrieval and PBR visual feature based retrieval, are proposed:

Liver segmentation and PBR identification are discussed. Image segmentation is one of the key techniques of medical CBIR systems. This dissertation presents semi-automatic tools for liver segmentation based on mathematical morphology and deformable models. The PBR identification is implemented through utilizing pixel classification algorithm based on finite mixture model.

Several morphological features of liver are defined and liver CT image query by these features are discussed. These features include size of the liver, liver shape regularity, liver contour regularity and size of hepatic fissure. When radiology physicians describe the CT manifestations of a liver, these morphological features are often considered. In image retrieval field, the extraction of these attributes is the precondition of morphological feature based retrieval.

Liver CT image query by PBR visual texture features are discussed. More specifically, co-occurrence texture features, Gabor visual features and orthogonal wavelet texture features of PBR are utilized to represent the contents of the liver PBR. For each type of feature, precision-recall is used as an overall performance measurement to verify its effectiveness in content-based retrieval. Experiments show that Gabor feature based query outperforms others methods in precision-recall

evaluations.

With the algorithms mentioned above, a content-based hepatic CT image retrieval system (HCBIR) is proposed. It works in two major steps: image archival and image retrieval. During archival, for each hepatic CT image, we first extract the liver region using watershed transform. Then, the PBR within the liver segment is identified through a pixel classification model. Next, HCBIR analyzes and extracts the shape attributes of the liver region and visual texture attributes of the PBR's, and a feature vector representing the shape and texture attributes is formulated. This feature vector, together with the original image, is populated into the database. During retrieval, the physician provides a hepatic CT image with certain CT manifestations as a query image. With a similar procedure as in archival process, feature vector of the query image is generated. Based on a feature matching criteria, HCBIR system compares this feature vector with those stored in the database to find a group of nearest neighbors in the feature space, and the corresponding CT images are delivered to the user interface to facilitate medical use.

The novelty of this dissertation lies in the following aspects:

✧ Techniques for content-based hepatic CT image retrieval are proposed in this paper. The related algorithms, including segmentation of region of interest, feature extraction, content-based search, are investigated. Based on these algorithms, the framework of HCBIR system is proposed to facilitate future use of these techniques in medical practice.

✧ In the liver segmentation model, a dissimilarity metric between neighboring watershed regions is defined, based on which a hierarchical watershed segmentation is derived.

✧ A morphological feature based query method for hepatic CT images is proposed. The size of liver, liver shape regularity, liver contour regularity and size of hepatic fissure can be calculated automatically and qualitatively.

✧ PBR feature based hepatic CT image retrieval methods are proposed. Visual texture features of PBR are defined based on Gabor and orthogonal wavelet transform. These feature vectors are utilized to realize the content-based query for liver CT images.

Content-based hepatic CT image retrieval techniques complement text-based query with visual search tools. Image features not only allow the retrieval of images from different patients having similar diagnoses but also cases with visual similarity but different diagnoses. For case based diagnosis and computer-aided diagnosis, hepatic CBIR techniques can be beneficial to increase the precision. Hepatology teaching and research especially are expected to improve through the use of visual access methods. Hepatic CBIR techniques provide an effective method for case retrieval and liver disease statistics as visually interesting images can be chosen and can actually be found in the existing large repositories. In addition, with the features that representing the shape, contour, size and texture of liver, the automatic generation of CT manifestation reports for hepatic images are possible, this is an extra benefit of the feature extraction algorithms proposed in this dissertation.

This work is supported by National Natural Science Foundation of China (No. 60272081).

Key words: Content based image retrieval, Medical image retrieval, Hepatic CT image, Content based query, Feature extraction.p

# 上海交通大学

## 学位论文原创性声明

本人郑重声明：所呈交的学位论文，是本人在导师的指导下，独立进行研究工作所取得的成果。除文中已经注明引用的内容外，本论文不包含任何其他个人或集体已经发表或撰写过的作品成果。对本文的研究做出重要贡献的个人和集体，均已在文中以明确方式标明。本人完全意识到本声明的法律结果由本人承担。

学位论文作者签名：

日期：      年      月      日

# 上海交通大学

## 学位论文版权使用授权书

本学位论文作者完全了解学校有关保留、使用学位论文的规定，同意学校保留并向国家有关部门或机构送交论文的复印件和电子版，允许论文被查阅和借阅。本人授权上海交通大学可以将本学位论文的全部或部分内容编入有关数据库进行检索，可以采用影印、缩印或扫描等复制手段保存和汇编本学位论文。

保密☐，在\_\_\_年解密后适用本授权书。

本学位论文属于

不保密☐。

（请在以上方框内打“√”）

学位论文作者签名：

指导教师签名：

日期： 年 月 日

日期： 年 月 日

# 第1章 绪论

## 1.1 课题研究的目的和意义

本课题旨在利用图像分割、特征提取、特征匹配等技术实现肝脏 CT 图像的基于内容的检索。基于内容的图像检索 (Content Based Image Retrieval, CBIR) 是基于文本的图像检索 (Text Based Image Retrieval, TBIR) 的扩展, 它既能够根据样图从图像数据库中检索出具有相同影像表现和疾病信息的一组图像, 也可以搜索出具有不同疾病但却包含相似影像表现的图像集。它是对依据病例的诊断和计算机辅助诊断的支持, 可提高诊断的准确率; 它对医学研究和影像学教学具有指导作用, 可作为一种有效的资料检索和医学统计手段。

计算机断层成像 (CT) 以其非侵入性、空间分辨率高、成像速度快等优点使其在肝脏病变的影像学诊断中占有重要地位。随着 CT 技术的发展和图像存档传输系统 (PACS) 的普及, 一所现代化的肝病医院每天产生数量巨大的肝脏 CT 图像。这些图像是医生进行临床诊断、病情跟踪、手术计划、预后研究、鉴别诊断的客观依据。CT 图像的重要性亟待一种高效的图像检索方法, 以准确地和尽可能多地从海量医学图像数据库中提取所需信息。传统的图像检索使用 TBIR 技术, 即根据图像的序列号、病人住院号、病人姓名、医师姓名、诊断报告等文本字段查询所需图像。TBIR 面临的最大困难在于它需要医师对医学图像人工提取注解。人工注解存在四个弊端: ①不可重复性。医师针对同一幅医学图像所下的两次诊断报告不可能完全相同; ②不同的医师提取注解时存在主观性差异, 同时存在用词不规范和不精确的情况, 因此在根据注解检索图像时容易导致检索结果的失配; ③工作量大, 耗时, 费力; ④医学图像的物理特征和视觉特征很难用文字确切描述。因此 TBIR 技术在鉴别诊断、医学统计、医学教育等领域极大地限制了医学图像的应用。如果利用图像分割技术从腹部 CT 图像中提取肝脏区域, 进而从肝脏区域中提取出病灶区域, 然后利用一定的特征提取算法分析肝脏和病灶的大小形态以及病灶区域的位置和纹理信息并将这些信息描述为特征空间中的一个特征向量随图像一起存储; 在图像检索时, 根据样图的特征向量在特征空间中寻找最接近的一组特征向量并将对应的 CT 图像提交给医师, 作为鉴别诊断、医学统计的依据, 这种检索方法属于 CBIR 的范畴。CBIR 能够克服 TBIR 的以上缺点, 可以从图像库中搜索出具有相似影像表现的图像集合。在实施基于病例的诊断时, 它能够帮助医生找到一组影像表现相同或相似的多幅图像来支持医生的诊断决策, 提高准确率。CBIR 避开了文本注解所带来的麻烦, 是对 TBIR 的扩展和补充, 它能够从海量医学图像数据库中提取更多的有用信息, 提高医学图像信息的利用率, 服务于临床、研究和教学。

## 1.2 基于内容的医学图像检索的研究现状

### 1.2.1 CBIR 在常规图像数据库中的应用

CBIR 在一般图像数据库中的应用, 国内外研究较多。IBM 的 QBIC[1]系统是 CBIR 技



术成为一个独立研究领域的标志，它使用形状、颜色、纹理、拓扑关系来进行特征匹配和检索，针对的媒体库包括图像和视频。Photobook [2] 和 Netra [3]使用颜色和纹理来描述图像内容。文献中常提到的其它常规 CBIR 系统还包括 Virage[49]，MARS[50]，Chabot[51]，CBIR-UV[52]等。近年的文献报道有人机交互式检索[4]，基于手势的检索（即通过摄像机读取和分析用户手势做出相应检索[5]）。这些系统提取的特征主要有颜色、形状、纹理、以及变换域特征。国内对 CBIR 研究起步较晚，但已有不少相关论文[6-9]，研究比较多的是基于图像主色、直方图和形状的检索方案。

## 1.2.2 CBIR 在医学图像数据库中的应用

虽然CBIR用于一般图像数据库有不少较成熟的技术。但由于医学图像是多模的，有功能图像、结构图像等，特征提取要对医学影像诊断学有一定的理解；另外，医学图像绝大多数（除了彩色B超）是灰度图像，一般的基于颜色特征的检索无能为力。如何根据医学图像的特点利用内容进行检索是一个还在研究的方向。

国外对基于内容的医学图像检索的研究开展较早。文献[10]提出了一种内容匹配方案用于心脏断层图像数据库。对于每幅图像，人工标记左右心房、左右心室、升主动脉、肺动脉，以及其它感兴趣区域。对人工标记出的所有区域，计算 Voronoi 图，并根据 Voronoi 图计算描述各区域之间的相对位置关系，构成特征矢量。文中还给出了一种相似性度量，满足尺度空间中距离定义的三个条件，以此作为 Voronoi 图之间、也即两幅图像之间的匹配准则。实验结果和医学影像学专家的识别结果比较接近（稍差）。美国 Purdue 大学的 ASSERT 系统对 CBIR 在胸部高分辨率 CT (HRCT) 图像数据库中的应用进行了探讨[11,12]，它能够对肺轮廓实施自动分割，然后通过医生手工勾边的方式指出病灶区域并分析病灶区域的位置、形状、纹理等信息，作为图像内容匹配的依据。文献[13]报道了这一 CBIR 检索系统对诊断质量的促进作用。美国 Los Alamos 国家实验室设计的 CANDID 系统[14]，利用单像素点上的特征参量（如灰度、纹理、方差、偏斜度、光滑度）的概率密度函数（PDF）作为图像特征，并针对胸 CT 图像做了实验，缺点是 PDF 难以生成，难以存储，PDF 间的相似性计算公式复杂，并且基于单像素点上的特征参量无法描述草图信息和粗纹理。文献[15]也对基于内容的胸肺 CT 图像检索进行了简单的研究，它通过医师手工勾画矩形的感兴趣区域（ROI），然后计算 ROI 的 Fourier 变换系数作为特征参数，特征匹配通过 Kohonen 自组织神经网络实现。文献[16]研究了 CBIR 在病理切片图像数据集中的应用，使用的特征为颜色和纹理。[17]将 CBIR 技术应用到胸部超声图像数据库，医生指定 ROI，然后提取 ROI 区域的纹理特征。文献[18]对 CBIR 在 PET 动态图像中的应用做了研究。还有一些研究对 CBIR 技术在胸部 X 线射影[19]、脑磁共振[20]、脑 CT[21]、脊柱 X 线图像[22]等领域的应用进行了探讨。表 1.1 列出了一些医学 CBIR 系统及其相对应的医学图像领域[23]。

国内对 CBIR 在医学中的应用研究处于起步阶段，在本研究开展过程中，已陆续见到关于医学 CBIR 研究的文章发表[97-111]。

## 1.2.3 医用 CBIR 系统所涉及的关键技术

基于内容的医学图像检索所涉及的关键技术类似于一般 CBIR，主要涉及分割、特征提取、特征匹配、以及特征索引等方面。但在每项技术的实现细节上有重大差异，这是由医学图像本身的特点决定的。

表1.1 各种医学CBIR系统及相关医学图像类型。

Table 1.1 Various image types and the systems that are using these images.

Images used	Names of the systems
HRCTs of the lung	ASSERT
Functional PET	FICBDS
Spine Xrays	CBIR2, MIRS
Pathologic images	IDEM, I-Browse, PathFinder, PathMaster
CTs of the head	MIMS
Mammographies	APKS
Images from biology	BioImage, BIRN
Dermatology	MELDOQ, MEDS
Breast cancer biopsies	BASS
Varied images	I <sup>2</sup> C, IRMA, KMed, COBRA, MedGIFT, ImageEngine

## 1 图像分割

医学图像的内容即医学图像所携带的生理、病理及解剖学信息的影像学表现。医学图像的这些信息往往局限于图像中的局部区域；因此在特征提取以前，需要通过恰当的图像分割算法分割出感兴趣区域。图像分割算法主要有手工勾边方式、人机交互方式、全自动方式。不论是一般的CBIR系统，还是医学CBIR系统，由于图像内容的复杂性和多样性，很难用全自动的方式进行特征提取和目标识别。系统往往会提供多种手段，在用户的干预下提取物理特征。如ASSERT系统可以自动提取肺轮廓，而肺小叶的分割通过交互方式来完成，病灶区域的提取则是通过手动勾边方式实现。

可以应用到CBIR中的图像分割算法很多，效果较好的有基于数学形态学的方法（如多级分水岭算法[24]）和基于可形变模型的方法（如LevelSet[25]和Snake[26]）。分水岭的优点是可以实现全自动分割，分割出的轮廓封闭；缺点是分割结果中含有太多小区域，需要后续处理（图1.1b）。LevelSet的优点是需要很少的用户干预（一次鼠标点击即可），缺点是分割结果易受图像中局部灰度变化的影响（图1.1c）。Snake算法亦可通过较少的用户干预，得到封闭的目标物边缘，缺点和LevelSet一样，易受局部点的影响。

## 2 特征提取

图像分割可以提取一幅图像中的感兴趣区域，而特征提取是指获取感兴趣区域的特征向量，作为描述图像内容的依据。在文献中常用的特征有以下几种：

**灰度特征：**图像的灰度特征是医用 CBIR 系统中常用的特征之一，灰度特征的提取常通过计算图像的灰度直方图来实现[27,28]。但是灰度直方图描述的是图像的全局信息，而医学图像的感兴趣区域（如病灶区域）只占较小的面积，因此有些文献使用局部区域的灰度直方图作为特征[29]。

**形状和位置：**形状、位置特征也是描述感兴趣区域的重要客观依据。简单的形状特征包括面积、周长、复杂度、主轴方向等。文献[30]使用付立叶描述子作为形状特征，文献[31]

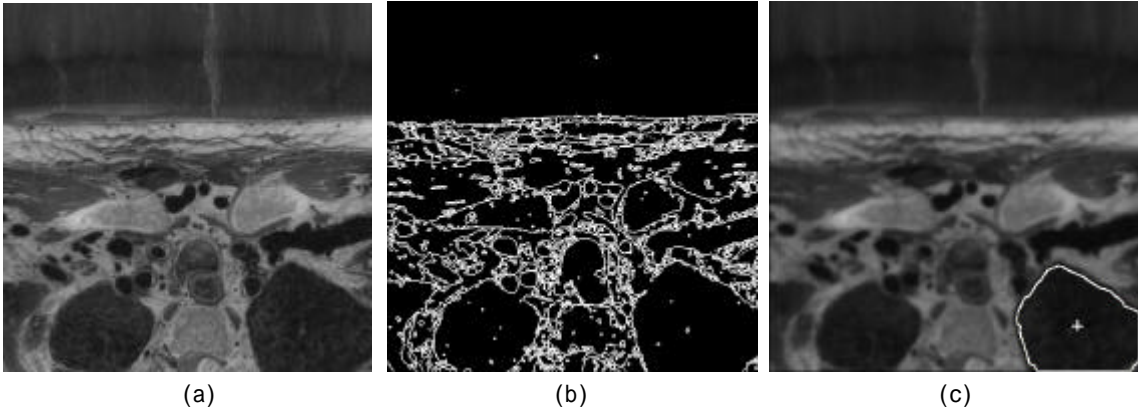


图1.1 分水岭和Levelset图像分割示例。(a)原始图，(b)Watershed结果，  
(c)Levelset结果，十字标记是种子点。

Fig.1.1 Examples of watershed and levelset segmentation. (a) Original image, (b) Segmentation result of watershed, (c) Detection result of levelset, the cross marker is the seed point.

使用不变矩描述形状。位置是感兴趣区域相对于人体某一解剖部位而言的。比如某一种病灶好发于某个部位，相反病灶的位置信息为分析病灶的类型提供了依据。文献[32,33]使用位置关系描述图像内容。

**纹理特征：**纹理特征的描述主要有共生矩阵方法[34,35]，Gabor 方法[36,37]，小波方法[27]和 Markov 纹理分析方法[38]。

**变换域特征：**变换域特征是指首先将图像或图像的某一区域转换到变换域空间，然后利用变换域的某些特性（如小波和 Fourier 变换的能量集中的优点）来提取特征。图像变换常用的方法有小波变换、Fourier 变换、DCT 变换等正交变换方法。

**语义特征：**医学影像学专家在对一幅医学图像的影像表现或影像诊断给出文字描述时，通常要使用一些规范的用语。如描述肝脏肿瘤形状的用语：“结节型”、“块状型”等。又如描述病灶大小的用语如“不大”、“稍大”等。将这些规范性用语对应到特征提取领域，就形成了医学图像的语义特征。文献[39]提到了医学图像的语义特征提取和匹配算法。由于语义特征的提取需要很好地结合医学影像学的领域知识，因此语义描述的准确性和精确性还有待提高。

### 3 特征匹配

经过特征提取以后得到一个  $N$  维的特征向量，可以把它作为  $N$  维欧氏空间中的一个点。图像之间的相似性通过点与点之间的距离来判断。简单的特征匹配算法可以利用向量空间中的距离定义来实现，如：

欧几里德距离：

$$d(x, y) = \sqrt{\sum_{i=1}^N (x_i - y_i)^2}$$

对于各分量不能用数字表示的情况，例如某个分量的取值为“+”或“-”，分别表示阴性和阳性。这种分量称为名义尺度，对名义尺度的特征矢量，也可定义各种距离，如：

$$d(x, y) = \frac{m_2}{m_1 + m_2}$$

其中  $m_2$  为不配的分量数， $m_1$  为相配的分量数。

由于图像数据库的记录数庞大，如果直接使用这些方法进行图像之间的相似性比较，运算速度将会很慢。考虑到图像分割中的人工干预、生理病理信息的复杂性、以及噪声的影响，临床诊断意义相似（比如有相同的肺疾病）的同一类图像的特征向量将会表现为  $N$  维特征空间中的一种统计分布。这种统计分布可以用一种统计模型（如  $N$  维高斯分布）来描述。因此为了提高检索效率，可以使用多维哈希（multi-hash）方法：将特征空间划分成多个  $N$  维区域，每个区域对应一个临床诊断意义相似的图像集合。存储时，给出一幅图像，它的特征向量转换成一个哈希索引，哈希索引代表一个属性类。检索时，给出一幅样图，它的特征向量也被转换成哈希索引，然后可以直接检索到哈希索引相同的其它图像，也就是临床意义相同的图像。这些图像与样图的接近程度再由上面介绍的距离定义直接计算。

还可以通过基于 B-tree, R-tree[40], kd-tree[41], quad-tree 等索引树的算法来提高检索效率。文献[42]介绍了一种树修剪算法，作者给出了一种计算“树结点平均测试次数”的公式，提出了一种结点删除准则，用于索引树的修剪，可以降低“树结点平均测试次数”。另外，还可以通过对特征向量进行降维处理（如主分量分析的方法(PCA)[43]）来减小特征匹配的复杂度。

## 4 系统结构

医用 CBIR 系统包括图像分割、特征提取、特征匹配、数据存储等多个方面，而且医学图像涉及多模式、不同的解剖部位。因此研究一套适用对不同医学图像领域的 CBIR 系统有一定的难度。这需要考虑以下问题：

图像处理引擎：使得对不同的医学图像可以选择最适合的图像分割、特征提取算法。

特征数据的表达：图像特征包括形状、纹理、位置等多种信息。采用怎样的数据结构来描述这种信息也是需要考虑的问题。这种数据结构应该满足增加特征和删除效果不明显的特征的需要。

数据库体系结构设计：虽然在目前大部分关于 CBIR 的文献中都使用关系数据库模型，但医学 CBIR 系统的发展需要适合于自身的数据库模型。

根据以上问题，一些文献对适用于医学 CBIR 系统的体系结构模型进行了研究。在文献[44]中，Chbeir 等人提出了一种超空间数据模型用于基于内容和语义的医学图像检索。它从一般特征、物理特征、几何特征和解剖学语义特征四个层次描述图像内容，并定义了四个层次之间的关系。在文献[45]中，Cheung 等人利用面向对象技术提出了具有五层体系结构的 CBIR 数据模型，这种系统模型便于增删特征分量。如何将医用 CBIR 系统集成到 PACS 系统中也是目前的研究热点之一[46, 47, 31]，有人提议修改 DICOM 文件的数据结构以适应这一要求，但这需要大量漫长的工作以制定出实用的标准。

## 1.3 本文的主要内容和创新性

### 1.3.1 主要内容

目前针对肝脏 CT 图像的 CBIR 技术的研究基本上属于空白领域<sup>\*</sup>。这主要是因为以下几方面的原因：首先肝脏 CT 图像的影像表现包含的内容较多，涉及到肝脏、脾、肾、胰腺等多个器官；其次肝脏的影像表现与肝脏的病理表现没有严格的对应关系；另外，即使在其它医学图像领域存在较成功的 CBIR 系统，但由于成像模式和解剖部位的差异，这种

CBIR 系统应用到肝脏 CT 图像并不一定合适。

本文对肝脏 CT 图像的基于内容的检索进行了较为深入的研究。对于肝脏 CT 图像的内容，我们仅考虑肝脏的影像表现，包括肝脏的形态特征和肝脏病灶的纹理特征（由于纹理分析时使用了 Gabor 变换，而 Gabor 变换是对人眼视觉特性的模拟，因此本文也称之为视觉特征）。肝脏 CT 图像的基于内容的检索过程就是检索图与其它图像之间针对这两种特征的匹配过程。为了实现这一目的，本文提出和设计了包括肝脏区域分割、病灶区域识别、基于肝脏形状特征的检索和基于病灶纹理特征的检索等算法。

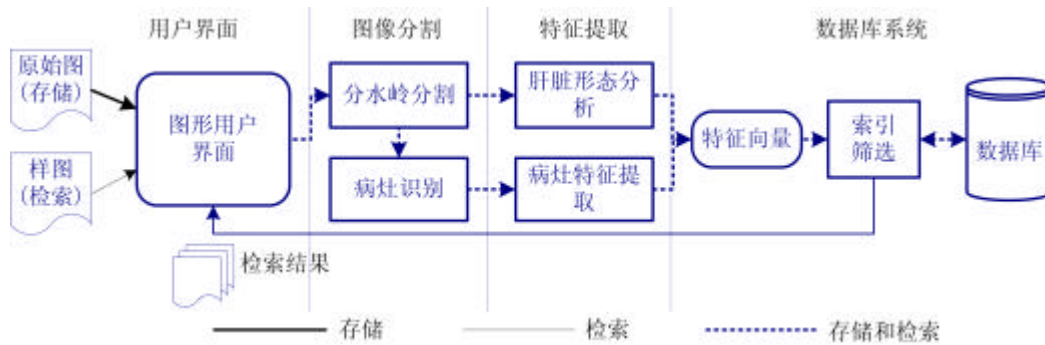


图 1.2 HCBIR 系统的存储和检索过程。

Fig. 1.2 Content based hepatic image retrieval: flow char for archiving images and their retrieval.

在以上这些算法的基础上，本文设计了一套基于内容的肝脏 CT 图像检索系统（Content Based Hepatic CT Image Retrieval, HCBIR）。HCBIR 的工作流程（图 1.2）表明了每种算法的功能和它们之间的相互关系。图像存储时，首先利用肝脏区域分割算法（包括分水岭算法、Snake 算法或手动勾边工具）从腹部 CT 图像中提取出肝脏区域。然后对肝脏区域进行两种处理：一方面分析肝脏的大小、边缘规则性、形状规则性、肝裂是否增宽等形态特征。另一方面利用有限混合器模型通过求解一个两分类问题将肝脏像素分类成正常像素和非正常像素，非正常像素的集合即为病灶区域。后续的处理针对病灶区域进行，主要获取病灶区域的纹理信息和位置信息（即病灶所处肝段）。最后，肝脏的形态特征和病灶的纹理特征作为记录一幅图像内容的特征向量存入数据库。

在图像检索时，医师首先指定一幅具有某种影像表现的样图。同存储过程一样，首先从样图提取特征向量。然后利用一定的特征匹配算法从数据库中检索出一组最接近的特征向量并将对应的 CT 图像显示到用户界面。表 1.2 列出了 HCBIR 系统中所使用的各处理模块。

表 1.2 HCBIR 系统处理模块列表。

Table 1.2 Processing modules of HCBIR system.

处理模块	输入	输出	说明
图像分割	腹部 CT 图像	肝脏区域	利用分水岭、Snake 算法或手工勾边工具提取肝脏区域。
像素分类	肝脏区域	病灶区域	利用有限混合器模型对肝脏区域像素进行两分类处理，获得病灶区域。
肝脏特征提取	肝脏区域	肝脏形态特征	分析肝脏的大小、形状、轮廓、肝裂特征。
病灶特征提取	病灶区域和肝脏区域	病灶特征	分析病灶的纹理以及所处的肝段。

本文内容安排如下：

第2章介绍肝脏CT图像的分割算法，包括基于Snake模型的分割算法和多级分水岭分割算法，其中分水岭算法是肝脏区域分割的主要工具；第3章介绍肝脏区域中病灶区域的提取，这是一个正常像素和病灶像素的分类过程，所依据的理论是有限混合器模型；第4章介绍基于肝脏形态特征的腹部CT图像检索；第5章和第6章介绍基于肝脏病灶特征的检索算法，这两章分别介绍了肝脏病灶的基于Gabor变换的特征提取算法和基于正交小波变换的特征提取算法。第7章是全文的总结及对未来工作的展望。

### 1.3.2 本文的创新性

本文具有以下创新性：

✧ 在肝脏CT图像领域开展基于内容的检索技术的研究，在国内外鲜见文献报道。本文对肝脏CT图像的基于内容的检索进行了较为深入的研究，提出和设计了包括感兴趣区域的分割、特征分析和基于内容的检索等一整套相关算法。并根据这些算法设计了HCBIR系统，为肝脏CT图像领域中CBIR技术的实际应用作了铺垫。

✧ 在肝脏CT图像分割模块中，本文对传统的分水岭算法进行了改进，定义了一种新的分水岭区域之间的差异性度量方法，引入了权值表的概念，实现了适合于肝脏区域分割的多级分水岭算法。

✧ 提出了基于肝脏形态特征的腹部CT图像检索算法。这些形态特征包括肝脏的大小、肝脏的形状规则性、边缘规则性、以及肝裂增宽的情况。

✧ 提出了基于肝脏病灶特征的腹部CT图像检索算法。本文利用Gabor分析方法和小波分析方法定义了相关的特征向量，用于提取肝脏病灶区域的纹理特征。这些特征向量是基于肝脏病灶特征的检索的依据。

---

\* 以“基于内容”和“肝脏”为检索词查询《中文科技期刊数据库》(1989-2004)、《中国期刊网》(1994-2004)和《中国学术会议数据库》(万方数据资源系统)的摘要字段，没有检索到相关文献。

以“content based”和“retrieval”和“liver”或“hepatic”为检索词查询《Elsevier+Academic Press 电子期刊》(1990-2004)和《IEEE/IEE Electronic Library 数据库》(1990-2004)的摘要字段没有检索到相关文章；查询《EI\_Village 2》(1990-2004)的摘要字段检索到文章一篇[111]；查询《SCIE&SSCI》(1990-2004)的摘要字段，检索到一篇会议论文[112]，这篇文章只是对所介绍的CBIR系统中的肝脏分割部分进行了描述。

## 第 2 章 腹部 CT 图像中肝脏区域的分割

对于绝大部分医学图像，感兴趣区域（如病灶区域）通常只占很小的范围。因此图像分割是医用 CBIR 系统的关键步骤，它的目的是从医学图像中分割出感兴趣区域，以便进一步提取医学图像所携带的影像学信息。在 HCBIR 系统中，肝脏区域的分割是必不可少的。它是进一步从肝脏区域中分割出病灶区域的前提。只有在肝脏区域已知的情况下，才能够进一步分析病灶的大小位置和其它信息。本章主要提供两种肝脏区域的分割模型：Snake 轮廓提取和分水岭分割。

### 2.1 基于 Snake 模型的肝脏轮廓提取

#### 2.1.1 传统 Snake 算法简介<sup>[53-56]</sup>

Snake 是图像平面上的一条参数化的曲线  $v(s) = (x(s), y(s))$ ,  $s \in [0,1]$ ，Snake 向目标物轮廓演进的过程通过最小化下面的能量函数来控制。

$$E = \int_0^1 E_{in}(v(s)) + E_{ex}(v(s)) ds \quad (2.1)$$

$$E_{in}(v(s)) = a|v'(s)|^2 + b|v''(s)|^2 \quad (2.2)$$

$$E_{ex}(v(s)) = -|\nabla[G_s * I(v(s))]|^2 \quad (2.3)$$

这里  $E_{in}$  和  $E_{ex}$  分别表示曲线的内部能量和外部能量。内部能量对应曲线的弹性和刚性，它们分别由曲线的关于  $s$  的一阶导数  $v'(s)$  和二阶导数  $v''(s)$  来计算。外部能量来自于图像， $\nabla[G_s * I(v(s))]$  表示对图像  $I$  进行高斯滤波以后的梯度运算。 $a$ 、 $b$  是两个加权参数，分别决定了弹性、刚性和外部能量的重要程度。

使公式(2.1)中的  $E$  最小化的 Snake 曲线满足下面的欧拉方程：

$$a v''(s) - b v'''(s) - \nabla E_{ex}(v(s)) = 0 \quad (2.4)$$

令  $F_{in} = a v''(s) - b v'''(s)$ ,  $F_{ex} = -\nabla E_{ex}(v(s))$ ，则上式表示为下面的力平衡方程：

$$F_{in} + F_{ex} = 0 \quad (2.5)$$

内力  $F_{in}$  表示 Snake 曲线的拉力和刚性力，防止曲线被过度拉伸或过度弯曲，从而保证曲线的光滑性。而外力引导 Snake 曲线向目标轮廓运动。

满足方程(2.4)的  $v(s)$  相当于下面的动力系统的稳定解：

$$v_t(s, t) = a v''(s, t) - b v'''(s, t) - \nabla E_{ex}(v(s, t)) \quad (2.6)$$

通过给定一个初始轮廓  $v(s, 0)$ ，可以迭代求解  $v(s, t)$ 。当  $v(s, t)$  稳定时，就得到了方程(2.4)的解。在从图像中进行目标物边缘提取时，通常将初始轮廓设置在接近目标边缘的范围内，以期获得正确的结果。

### 2.1.2 梯度矢量流 Snake <sup>[57]</sup>

给定一幅图像  $I(x, y)$ ，令  $f(x, y)$  表示它的边界图。边界图在靠近  $I(x, y)$  边界的地方  $f(x, y)$  取较大的值，否则取较小的值。比如可以利用  $I(x, y)$  的经高斯滤波后的梯度幅值图作为它的边界图：

$$f(x, y) = |\nabla[G_s * I(x, y)]|^2 \quad (2.7)$$

由公式(2.3)可知：

$$f(x, y) = -E_{ex}(x, y) \quad (2.8)$$

考察公式(2.5)，外力  $F_{ex} = -\nabla E_{ex} = \nabla f$ ，因此在传统的 Snake 模型中，外力场是边界图的梯度场。外力场中的每一个力矢量沿边界的法线方向指向邻近的边界。传统 Snake 模型的外力场的不足之处在于力矢量仅在边界附近存在，而在远离边界的地方力矢量迅速减弱为 0。如果给定的初始轮廓远离感兴趣的边缘，那么由于外力场较小，则(2.6)式难以迭代搜索到最佳的图像边缘。

为了克服传统 Snake 模型的不足，有必要扩大外力场的捕捉范围，梯度矢量流 Snake (Gradient Vector Flow Snake, GVF Snake) 的目的正在于此。如果利用梯度矢量流 (GVF) 代替公式(2.5)中的  $F_{ex}$ ，传统的 Snake 算法演变为 GVF Snake。

令  $F(x, y) = [u(x, y), v(x, y)]$  表示一个梯度矢量流场，其中  $u(x, y)$  和  $v(x, y)$  分别表示  $(x, y)$  处水平方向和垂直方向上力分量。 $F(x, y)$  通过最小化以下能量函数求得：

$$E = \iint \mu (u_x^2 + u_y^2 + v_x^2 + v_y^2) + |\nabla f|^2 |F - \nabla f|^2 dx dy \quad (2.9)$$

从上式可以看出，当  $\nabla f$  较小时，上式主要通过减小前一项来控制，它由矢量场的偏导数构成，形成平滑渐变的向量场；当  $\nabla f$  较大时，上式主要通过减小第二项来控制，求解所得  $F(x, y)$  接近于  $\nabla f$ 。

根据变分原理，(2.9) 式的解可以通过求解以下欧拉方程获得：

$$\mu \nabla^2 u - (u - f_x)(f_x^2 + f_y^2) = 0 \quad (2.10a)$$

$$\mu \nabla^2 v - (v - f_y)(f_x^2 + f_y^2) = 0 \quad (2.10b)$$

式中  $\nabla^2$  是 Laplacian 算子。满足上述方程的  $F(x, y)$  相当于下面动力系统的稳定解：

$$u_t(x, y, t) = \mu \nabla^2 u(x, y, t) - [u(x, y, t) - f_x(x, y)] \cdot [f_x(x, y)^2 + f_y(x, y)^2] \quad (2.11a)$$

$$v_t(x, y, t) = \mu \nabla^2 v(x, y, t) - [v(x, y, t) - f_y(x, y)] \cdot [f_x(x, y)^2 + f_y(x, y)^2] \quad (2.11b)$$

将求解所得的  $F(x, y)$  替换公式(2.6)的最后一项，得到 GVF Snake 的演进方程：

$$v_i(s, t) = a''(s, t) - b'''(s, t) + F \quad (2.12)$$

通过给定一个初始轮廓  $v(s, 0)$ ，可以迭代求解  $v(s, t)$ 。当  $v(s, t)$  稳定时，就得到上式的解。



### 2.1.3 传统 Snake 和 GVF Snake 的比较

#### 1 初始轮廓的设置范围

同传统的 Snake 比较，在 GVF Snake 模型中初始轮廓有更大的捕捉范围。因为通过求解公式(2.9)所得的梯度矢量流场中力矢量的分布范围更广。图 2.1a 给出一幅原始图像和一个圆形作为初始轮廓。2.1b 是传统 Snake 模型的外力场，即公式(2.5)中的  $F_{ex} = -\nabla E_{ex}$ 。图 2.1c 是 GVF Snake 的外力场，即梯度矢量流场。比较图 2.1b 和 2.1c 可以看到梯度矢量流场中的力矢量的分布范围远远大于传统的外力场。因此在 GVF Snake 模型中，可以在更大的范围内设定初始轮廓。图 2.1d 是传统 Snake 算法的迭代结果，由于初始轮廓离目标物边缘较远，外力场未能覆盖到初始轮廓处，因此迭代结果存在较大偏差。图 2.1e 是 GVF Snake 的迭代结果，初始轮廓在梯度矢量流场的引导下，搜索到正确的目标轮廓。在本实验中，取  $a=0.01$ ， $b=0$ ，两种算法的迭代次数都是 40 次。

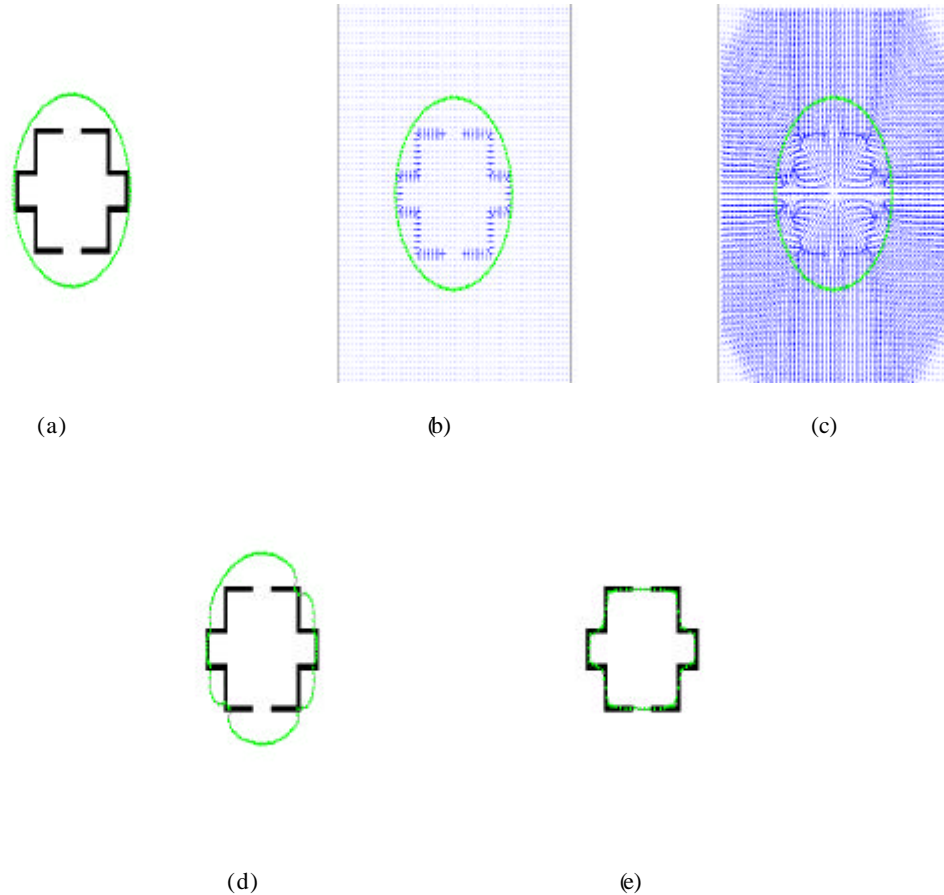


图 2.1 传统 Snake 和 GVF Snake 初始轮廓捕捉范围的比较。(a) 原始图像和初始轮廓，(b) 传统 Snake 的外力场，(c) GVF Snake 的外力场，(d) 传统 Snake 的搜索结果，(e) GVF Snake 的搜索结果。

Fig.2.1 Comparison of traditional snake and GVF snake for capture range of initial contour.

(a) Original image and initial contour, (b) External force field of traditional snake, (c) Gradient vector flow, (d) Result of traditional snake, (e) Result of GVF snake.

## 2 目标物边缘复杂性对搜索结果的影响

对于搜索具有规则边缘的目标，两种 Snake 算法都能胜任。图 2.2a 的原始图像中有一正方形目标和初始轮廓。图 2.2b 是传统 Snake 的搜索结果，2.2c 是 GVF Snake 的搜索结果。这里，取  $a=0.5$ ， $b=0$ 。2.2b 经过 160 次迭代，而 2.2c 经过 40 次迭代。

图 2.3a 的原始图像中有一边缘复杂的目标和初始轮廓。图 2.3b 和 c 分别为传统 Snake 和 GVF Snake 的外力场。比较两图可以发现在图 2.3b 中目标物的上缘凹陷处没有指向下方的矢量，因此对于这种形状的目标，传统 Snake 难以搜索到正确的结果。而在图 2.3c 中的同样位置可以看到指向侧下方的矢量。图 2.3d 和 e 分别是两种 Snake 的迭代结果。这里，取  $a=0.01$ ， $b=0$ 。

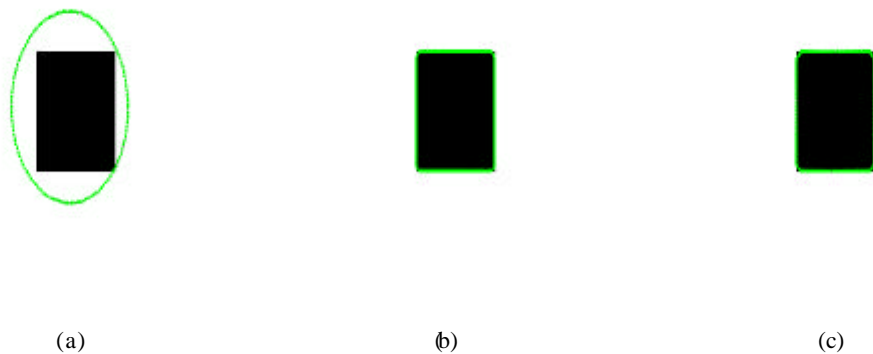
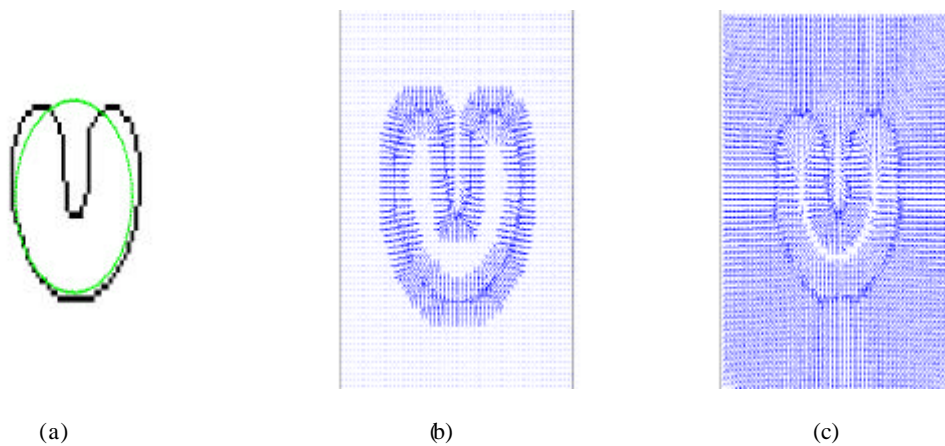


图 2.2 两种 Snake 算法针对规则边缘的搜索结果。(a) 原始图像和初始轮廓，  
(b) 传统 Snake 的搜索结果，(c) GVF Snake 的搜索结果。

Fig.2.2 Results of two snake models for regular object boundary. (a) Original image and initial contour,  
(b) Result of traditional snake, (c) Result of GVF snake.



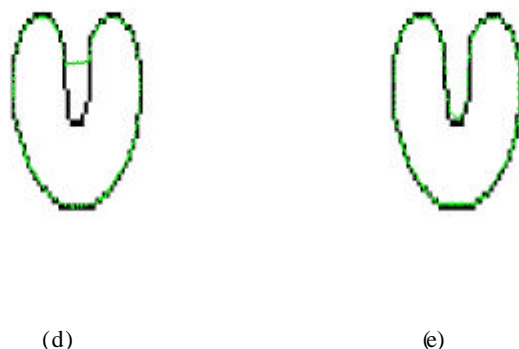


图 2.3 两种 Snake 算法针对不规则边缘的搜索结果。(a) 原始图像和初始轮廓, (b) 传统 Snake 的外力场, (c) GVF Snake 的外力场, (d) 传统 Snake 的搜索结果, (e) GVF Snake 的搜索结果。

Fig.2.3 Comparison of two snake models for detecting irregular object boundary. (a) Original image and initial contour, (b) External force field of traditional snake, (c) Gradient vector flow, (d) Result of traditional snake, (e) Result of GVF snake.

### 3 运算速度

同传统的 Snake 相比, 在外力场已知的情况下, GVF Snake 具有更高的运算速度。这是因为在 GVF Snake 模型中, 动态轮廓可以直接在外力场的引导下搜索到目标; 而在传统 Snake 模型中动态轮廓上并非处处具有外力场的引导, 这时候需要通过内力(弹性力和刚性力)将其“拽”向目标物。在图 2.2 的实验中传统 Snake 经过 160 次迭代以后得到稳定结果(图 2.2b), 而 GVF Snake 只需经过 40 次迭代即可得到稳定解(图 2.2c)。但是 GVF Snake 模型需要根据公式(2.11)计算梯度矢量流, 这个迭代过程具有较高的时间复杂性。

## 2.1.4 Snake 算法在肝脏边缘提取中的应用

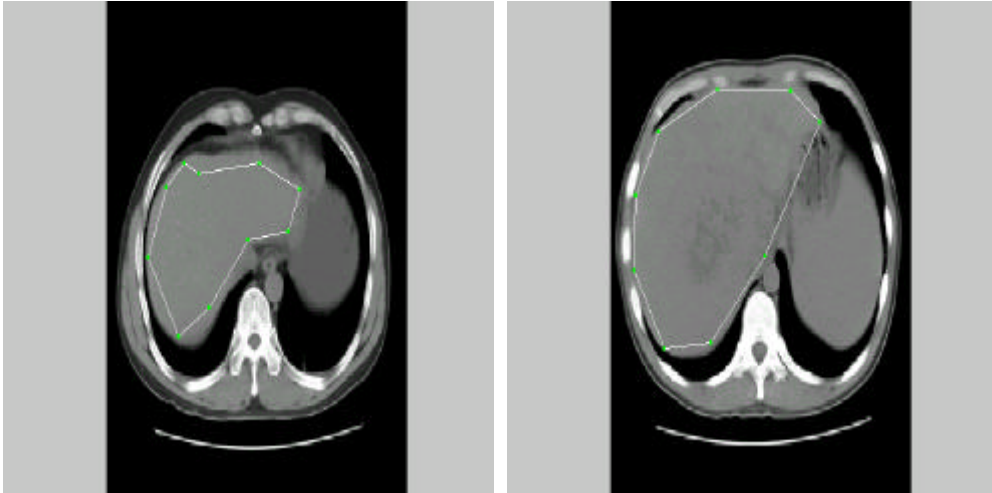
### 1 应用示例

图 2.4 是两种 Snake 算法在肝脏轮廓提取中的应用示例。图 2.4a 给出了两幅腹部 CT 图像和初始轮廓, 图 2.4b 是两幅图像利用传统 Snake 算法的搜索结果。图 2.4c 是两幅图像的 GVF Snake 算法的搜索结果。这里取  $a=3$ ,  $b=0$ 。利用公式(2.11)计算 GVF 时的迭代次数为 20。在图 2.4c 中, 由于肝脏的边缘和肋骨距离较近, 因此在计算 GVF 外力场时肋骨边缘处的外力场向肝脏边缘扩展, 从而导致最终的 Snake 轮廓趋向肋骨。

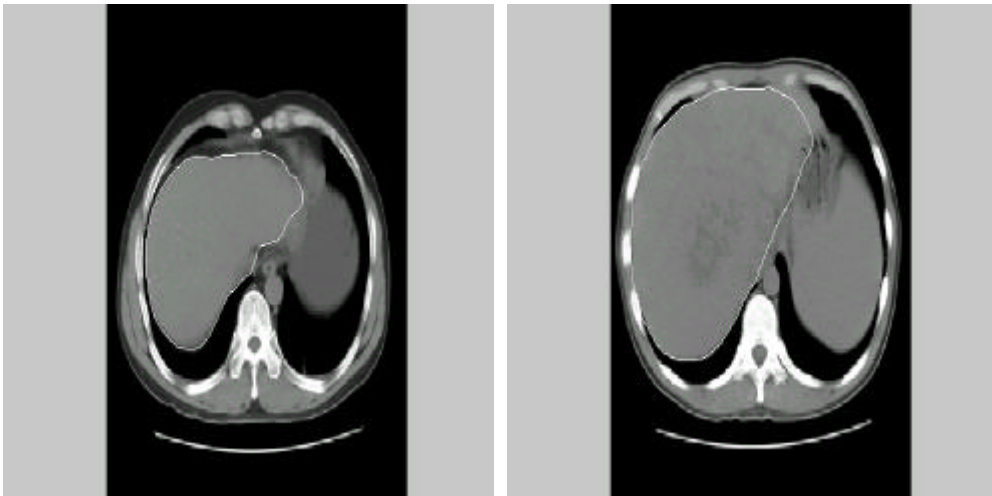
### 2 Snake 算法的不足

利用 Snake 算法进行肝脏轮廓提取具有一定的优势, 它可以提取出较精确的光滑轮廓。但 Snake 算法也有许多不足之处。Snake 算法需要用户输入初始轮廓, 并且初始轮廓不能

离目标物太远，否则难以获得正确的结果。在使用 Snake 算法进行轮廓提取时，需要事先设定多个参数，参数的调节难以掌握。当目标物尺寸较大时，Snake 的迭代速度较慢。尤其对于  $512 \times 512$  的 CT 图像，Snake 的速度难以胜任实际应用。GVF Snake 算法相对于传统 Snake 算法有很多优点，但 GVF Snake 模型在计算外力场时需要迭代运算，影响运算速度（公式(2.11)）；另外，在肝脏 CT 图像中，肝脏周围的组织如肋骨和椎骨的边缘比较锐利，因此这些边缘处存在较强的外力矢量；在 GVF 外力场中，这些较强的矢量场向远处扩展，从而导



(a)



(b)

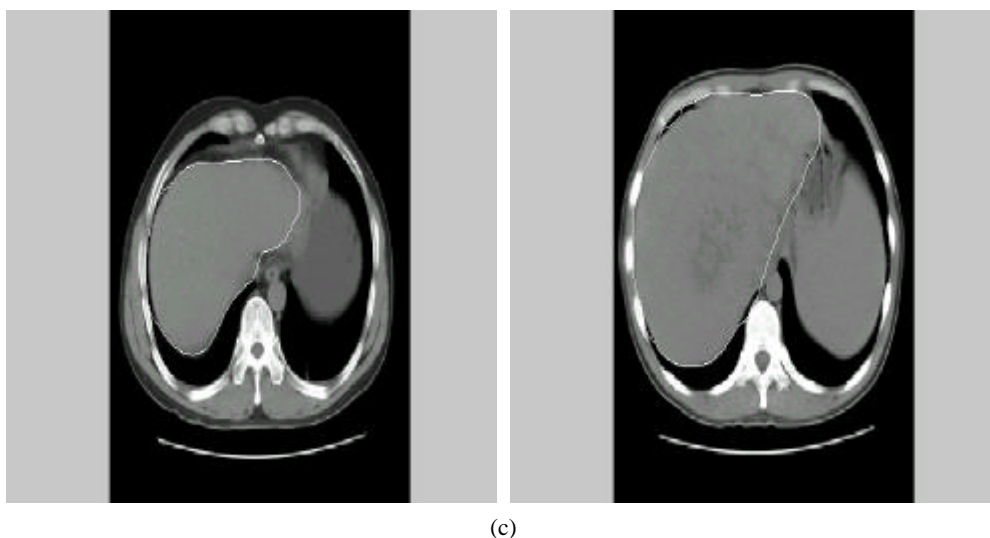


图 2.4 Snake 算法在肝脏轮廓提取中的应用。(a) 原始图像和初始轮廓, (b) 传统 Snake 算法的结果, (c) GVF Snake 算法的结果。

Fig.2.4 Application of snake models in detecting liver contours. (a) Original images and initial contours, (b) Results of traditional snake, (c) Results of GVF Snakes.

致 GVF Snake 轮廓的迭代结果偏向胸腔壁。对于 2.4a 左边所示的原始图像和初始轮廓, 如果取 GVF 的迭代次数为 80 (公式(2.11)), 则得到的 GVF Snake 的搜索结果如图 2.5 所示。因此, 在肝脏轮廓提取时 GVF Snake 反而劣于传统 Snake 算法。

## 2.2 基于分水岭的肝脏区域分割

相对于 Snake 算法 (包括传统 Snake 和 GVF Snake) 在肝脏轮廓提取中的不足, 分水岭算法比较适合于分割图像中灰度平坦区域, 从腹部 CT 图像中分割出肝脏即为此类任务。分水岭分割具有快速算法, 更具实用性, 适合于 CBIR 系统中的图像分割。

### 2.2.1 分水岭算法简介<sup>[58]</sup>

在介绍分水岭算法之前, 首先介绍一下测地距和测地影响区的概念:



图 2.5 Snake 算法的不足。

Fig 2.5 Inability of snake models.

集合  $A$  中两点  $x, y$  之间的测地距  $d_A(x, y)$  是联接这两点的所有路径的长度的下限。即：

$$d_A(x, y) = \inf \{l(R) \mid R \text{ 是 } A \text{ 中联接 } x, y \text{ 的路径} \} \quad (2.13)$$

设  $B$  是  $A$  的一个子集， $B$  和  $A$  中的点  $x$  之间的测地距用  $d_A(x, B)$  表示：

$$d_A(x, B) = \min_{y \in B} d_A(x, y) \quad (2.14)$$

设  $B = \bigcup B_i \subset A$ ,  $i=1, \dots, k$ ;  $\forall i$ ,  $B_i$  是  $B$  的联通分量。则  $B$  的联通分量  $B_i$  在  $A$  中的测地影响区  $iz_A(B_i)$  是  $A$  中的点集，这个点集中的点到  $B_i$  的测地距比到  $B$  中其它联通分量的测地距小。即：

$$iz_A(B_i) = \{x \in A \mid \forall j \in [1, k] \setminus i, d_A(x, B_i) < d_A(x, B_j)\} \quad (2.15)$$

$A$  中不属于任何测地影响区的点构成了  $B$  在  $A$  中的测地影响区的骨架。用  $SKIZ_A(B)$  表示：

$$SKIZ_A(B) = A / IZ_A(B), \text{ 其中 } IZ_A(B) = \bigcup_{i \in [1, k]} iz_A(B_i) \quad (2.16)$$

有了以上测地距和测地影响区的概念，分水岭算法的数学描述在下面给出：

设定义域  $D_g$  上的函数  $g$  为待处理的数字图像，它的最大值与最小值分别为  $h_{\max} = \max(g)$ ,  $h_{\min} = \min(g)$ 。集合  $[D_g]^h$  表示函数  $g$  的上阈限： $[D_g]^h = \{x \in D_g \mid g(x) \leq h\}$ 。 $Reg\_Min_h(g)$  表示  $g$  在高度  $h$  上的局部最小值： $Reg\_Min_h(g) = \{x \in D_g \mid x \text{ 是局部最小值, 且 } g(x) = h\}$ 。 $g$  的聚水盆地（即分水岭区域）就是集合  $X_{h_{\max}}$ ,  $X_{h_{\max}}$  通过下面的迭代得到：

$$\begin{cases} X_{h_{\min}} = [D_g]^{h_{\min}} \\ X_{h+1} = Reg\_Min_{h+1}(g) \cup IZ_{[D_g]^{h+1}}(X_h), \forall h \in [h_{\min}, h_{\max} - 1] \end{cases} \quad (2.17)$$

函数  $g$  的分水岭是  $X_{h_{\max}}$  的补集。

分水岭（watershed）算法是数学形态学在图像处理中的应用[59,60]。在数学形态学领域，图像的灰度被看成高度，这样一幅图像就变成了地形地貌图，高度显著变化的地方对应希望提取的轮廓点。因此，分水岭算法通常在梯度图的基础上进行[61-63]。文献中对分水岭算法的解释有多个版本，图 2.6 描述了一维分水岭算法的经典模型：浸没模型[58,64]。图 2.6a 是一个一维地形图，假设它是另一个一维函数的梯度幅值函数并把它看成地形地貌图。首先确定这个地形的所有局部极小点，并假设在每个局部极小点处刺穿一个小孔，然后把它随着时间匀速地浸入一个湖中。湖水开始从局部最小点处向对应的聚水盆地注水形成水库（图 2.6b）。为了防止两个不同的局部最小点对应的水库汇聚到一起，在它们的相接处建立起一个水坝（图 2.6c），当地形被完全浸没在湖面以下之后，那些所有的水坝就构成了分水岭（图 2.6d）。对于一维情况，分水岭对应局部极大值；而对于二维情况，分水岭对应一系列的鞍点和局部极值点（图 2.7）。对于二维离散网格上的数字图像，分水岭构成封闭的单像素轮廓。

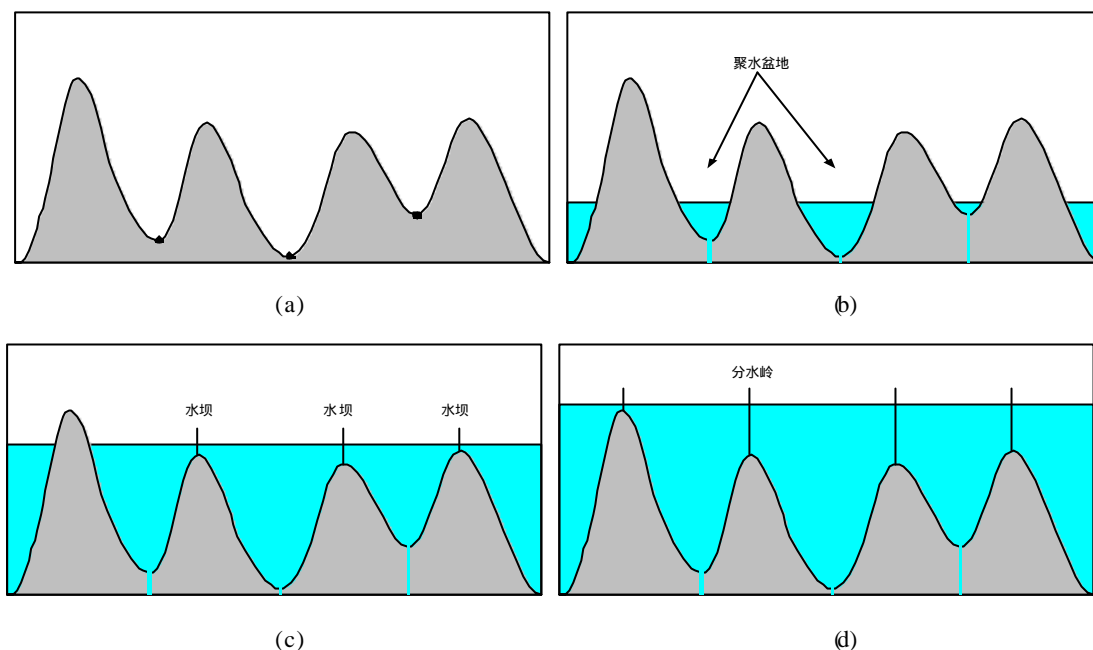


图 2.6 一维分水岭算法示意图。(a) 一维地形，(b) 浸没过程，  
(c) 水坝建立，(d) 分水岭的建立。

Fig.2.6 Building of watersheds: one-dimensional approach. (a) One-dimensional geographic relief, (b) Immersing the surface into a lake, (c) Erection of the dams, (d) Creation of the watersheds.

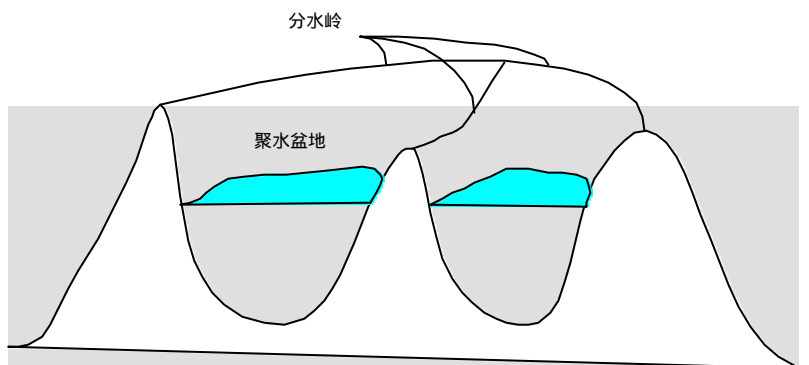


图 2.7 二维分水岭算法示意图。

Fig.2.7 Building of watershed: two-dimensional approach.

(2.17)式中  $X_{h_{\min}}$  对应图 2.6a 和图 2.7 中的全局最低点，迭代过程就对应水面上涨过程，聚水盆地之间水坝的建立就是记录  $X_{h_{\max}}$  的测地影响区的骨架点的过程，而所有的水坝则对应了函数  $g$  的分水岭。

在本文中我们使用在文献[64]中 Vincent 和 Soille 给出的快速分水岭分割算法。

## 2.2.2 多级分水岭分割算法

分水岭算法的最大不足在于过分割，也就是产生过多的小区域而使感兴趣的区域难以分辨[65]（图 2.8）。本文提出一种分水岭区域的多级聚合方案，产生一种多级分割结果。这种算法首先定义相邻区域之间差异性度量，再根据图的最小生成树理论生成多级嵌套的分割结果。

图 2.8 是分水岭分割的一个示例。图 2.8a 是原始图，图 2.8b 是梯度图，图 2.8c 是分水



岭初始分割结果。在后面的计算中，令  $g$  表示梯度图。 $g_{ij}$ （或  $g(P)$ ）表示梯度图在像素点  $(i, j)$  处（或  $P$  点处）的值。所有区域的集合用  $R$  表示，则

$$R = \{r_i, i=1, \dots, n\} \quad (2.18)$$

其中  $r_i$  表示第  $i$  个区域， $n$  表示区域的总数。两个相邻区域  $r_i$  和  $r_j$  之间的公共边界用  $e_{ij}$  表示。

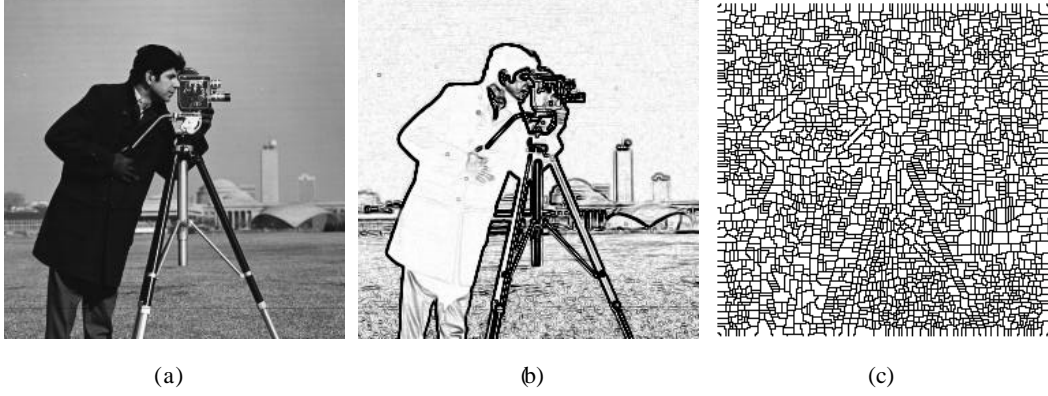


图 2.8 分水岭分割示例。(a) 原始图  $256 \times 256$ ，(b) 梯度图，  
(c) 分水岭分割结果。

Fig.2.8 Watershed segmentation of camera man. (a) Original image,  $256 \times 256$ ,  
(b) Gradient image, (c) Result of watershed segmentation.

## 1 相邻区域之间的差异性度量

相邻区域  $r_i$  和  $r_j$  之间的差异性包括分水岭显著性、平均灰度差、公共边界等几个方面。

在淹没模型中，随着水面的升高，如果没有水坝的阻挡相邻的区域将逐渐合并。在梯度图中，两个相邻的聚水盆地之间的“山脊”越高，则它们合并的时机越靠后，则认为这两个聚水盆地的差异性越显著，从而它们属于不同区域的可能性越大[58]。用  $s_{ij}$  表示两个相邻区域  $r_i$  和  $r_j$  之间的分水岭显著性，则有：

$$s_{ij} = \min_{P \in e_{ij}} g(P) \quad (2.19)$$

为了防止噪声的影响，可以使用下面的公式代替上式。

$$s_{ij} = \frac{1}{l(e_{ij})} \sum_{P \in e_{ij}} g(P)$$

其中  $l(e_{ij})$  表示公共边界  $e_{ij}$  的长度。这时的  $s_{ij}$  表示公共边界上的平均梯度幅值。

公式(2.19)说明两个相邻区域之间的分水岭显著性为它们之间的公共边界上最小的梯度幅值。在淹没模型中，当水面超过这个值时两个区域将趋于合并，这个值越大，则认为这两个区域之间的差别越明显。

分别以  $I_i$  和  $I_j$  表示两个相邻区域  $r_i$  和  $r_j$  的平均灰度，用  $d_{ij}$  表示  $r_i$  和  $r_j$  之间的平均灰度差，则：

$$d_{ij} = |I_i - I_j| \quad (2.20)$$

对于大多数情况，两个分水岭区域之间的公共边界越长，它们属于同一个目标区域的可能性越大。假设  $l_i$  和  $l_j$  分别表示  $r_i$  和  $r_j$  的周长， $l(e_{ij})$  表示公共边界的长度。则相对公共



边界用下式计算:

$$p_{ij} = \frac{l(e_{ij})}{\min(l_i, l_j)} \quad (2.21)$$

当  $p_{ij}$  等于 1 时, 说明一个区域被另一个区域所包含。

根据式(2.19-21)并对它们进行归一化处理以后, 相邻区域的差异性度量用下式表示:

$$w_{ij} = \frac{1}{1 + p_{ij}} \sqrt{\mathbf{a}_{ij}^2 + d_{ij}^2} \quad (2.22)$$

其中  $\mathbf{a}$  用于调整分水岭显著性和平均灰度差的权重。另外还可以定义分水岭区域的其它特征 (比如区域像素灰度的方差) 并根据这些特征计算相邻分水岭区域的差别, 实验表明以上这些特征足以满足应用的需要, 因此这里未引入其它特征定义。

## 2 最小生成树和多级图像分割

现在我们已经有了一个分水岭初始分割结果, 但它属于过分割, 区域数目过多。因此希望通过进一步的区域聚合形成较大的有意义的目标区域。区域聚合应使新生成的区域尽可能地保持区域内的差异性最低和区域之间的差异性最高。

以每个区域  $r_i$  为一个节点, 相邻两个区域之间建立一条边并为每条边赋予权值  $w_{ij}$ 。则所有的节点和所有的边构成一个区域图, 用  $G$  表示:

$$G = (R, W) \quad (2.23)$$

其中  $R$  如公式(2.18)所示,  $W$  表示所有边的集合 (这里也表示所有  $w_{ij}$  的集合)。我们的目的是要找到这个图的一棵生成树  $T_{MST}$ , 使得  $w(T) = \sum_{w_{ij} \in T_{MST}} w_{ij}$  为最小, 即:

$$T_{MST} = \arg \min_T w(T) \quad (2.24)$$

这样的树称为最小生成树[66,67] (Minimum Spanning Tree, MST)。图 2.9a 是一个区域图, 图 2.9b 给出了这个区域图的最小生成树。假设所有边的权值不重复 (对于浮点数总是可行), 一个图的最小生成树是唯一的。

将最小生成树中所有边的权值从小到大排列形成一个一维数组  $TW$ , 数组元素的个数即为最小生成树中边的个数加 1 (因为数组中第一个单元用于存放权值 0), 记为  $n+1$ , 在图 2.9c 中  $n=7$ 。对于任意一个正数  $I \in [0,1]$ , 我们得到区域图  $G = (R, W)$  的一个分割结果  $Seg(G, I)$ , 它表示在最小生成树中剪除所有权值大于  $TW[\text{int}(In)]$  的边以后的联通分量的集合, 其中  $\text{int}$  表示取整操作。对于图 2.9b 中的最小生成树, 如果取  $I=0$ , 则所有的边都将被剪除, 每个节点就是一个联通分量, 这就是初始分割。如果取  $I=1$ , 则所有的边都保留, 这时所有的区域聚合成一个区域。如果取  $I=0.5$ , 则  $TW[\text{int}(In)] = TW[3] = 4$ , 而分割结果如图 2.9d 所示包括 5 个联通分量 (即 5 个区域)。基于最小生成树的分割具有这样一个特点: 对于  $I_1 < I_2$ ,  $Seg(G, I_1)$  的区域嵌套在  $Seg(G, I_2)$  的区域之中, 或说  $Seg(G, I_2)$  中的联通分量来自  $Seg(G, I_1)$  中的联通分量合并的结果。图 2.9e 是  $I=0.6$  的情况。根据区域图及其最小生成树, 我们可以得到一幅图像的多级嵌套的分割结果。

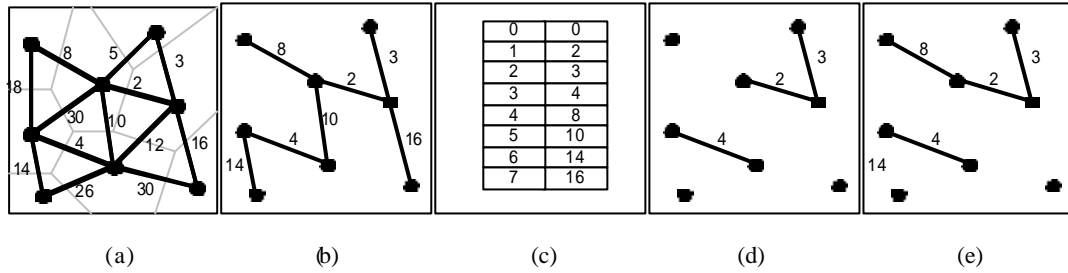


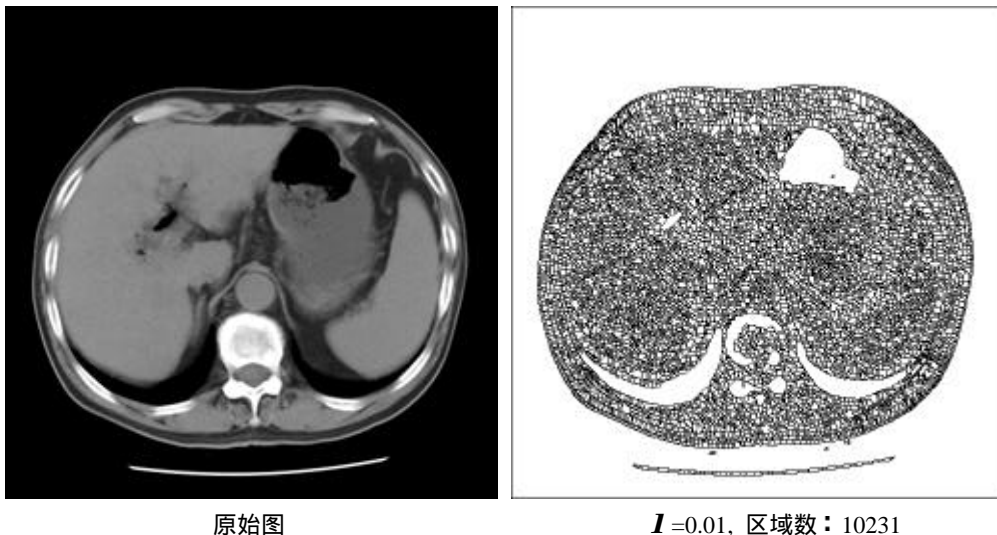
图 2.9 区域图和最小生成树。(a) 区域图, (b) 最小生成树, (c) 权值表, (d) 分割结果,  $I = 0.5$ , (e) 分割结果,  $I = 0.6$ 。

Fig.2.9 Region graph and minimum spanning tree. (a) A region graph, (b) Its minimum spanning tree, (c) Weight table, (d) Segmentation result,  $I = 0.5$ , (e) Segmentation result,  $I = 0.6$ .

### 2.2.3 肝脏 CT 图像的分水岭分割

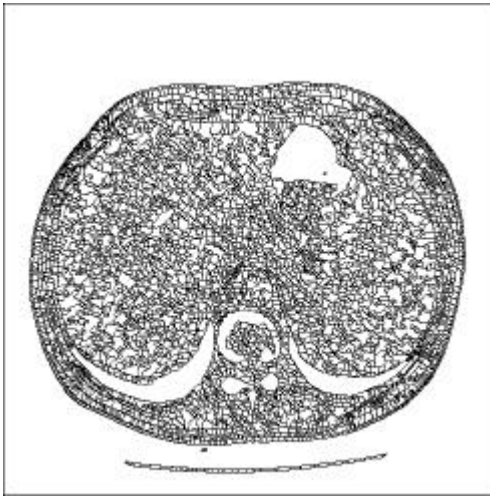
在肝脏 CT 图像中包含大量的灰度平坦区域, 因此分水岭算法能够较好地应用于肝脏 CT 图像的分割。图 2.10 所示为一幅腹部 CT 图像 ( $512 \times 512$ ) 的多级分水岭分割结果。从图中可以看到, 通过调节参数  $I$ , 区域数逐渐减少。当  $I=0.1$  时, 可以较好地分割出肝脏区域。

在实验中我们发现, 通过将  $I$  固定在 0.08, 对于部分腹部 CT 图像 (40%左右) 可以一次性分割出满意的肝脏区域。对于其它图像则需要通过交互式分割, 即用户调节参数  $I$  完成肝脏的分割。图 2.11 是本文 HCBIR 系统所采用的分水岭分割的界面, 可以通过调节窗口底端的滑动条以分割出满意的肝脏区域。图 2.11a 所示为原始图像, 图 2.11b 为  $I=0.08$  时的分水岭分割结果, 从图中可以看出  $I$  固定在 0.08 时可以大致分割出肝脏区域, 但不够精确。这时通过调节  $I$ , 即通过后移滑动条, 当  $I=0.09$  时可以得到满意的分割结果, 如图 2.11c 所示。图 2.11d 是分割出的肝脏区域, 2.11e 是肝脏区域的掩模。

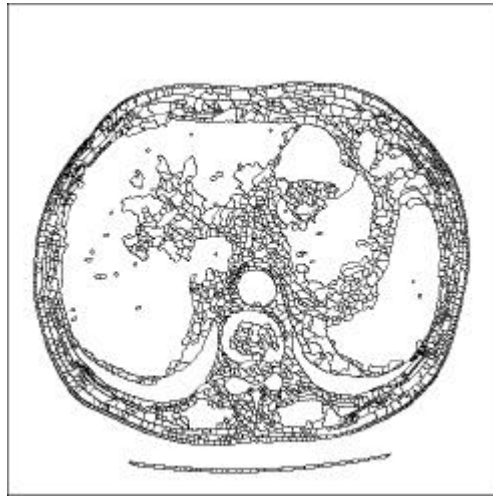


原始图

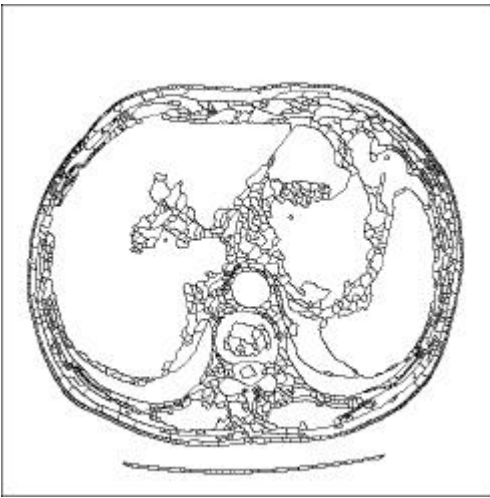
$I=0.01$ , 区域数: 10231



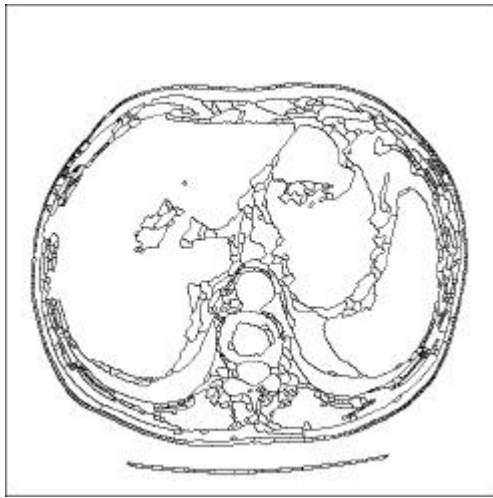
$I=0.04$ , 区域数: 6132



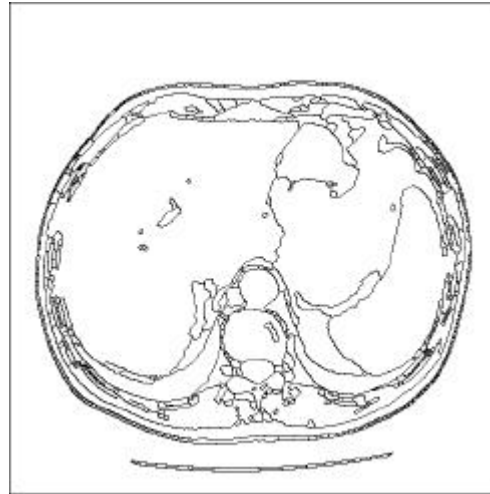
$I=0.07$ , 区域数: 2962



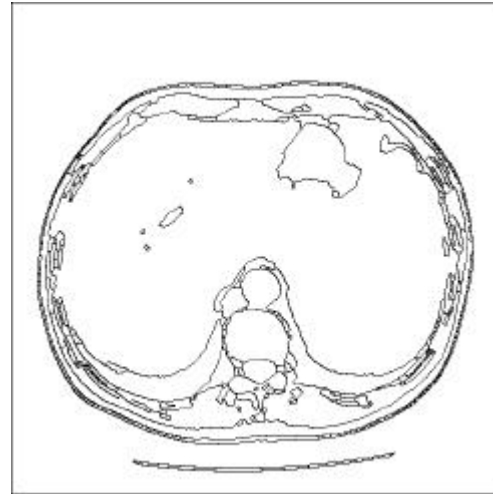
$I=0.10$ , 区域数: 1862



$I=0.13$ , 区域数: 1266



$I=0.16$ , 区域数: 908



$I=0.19$ , 区域数: 704

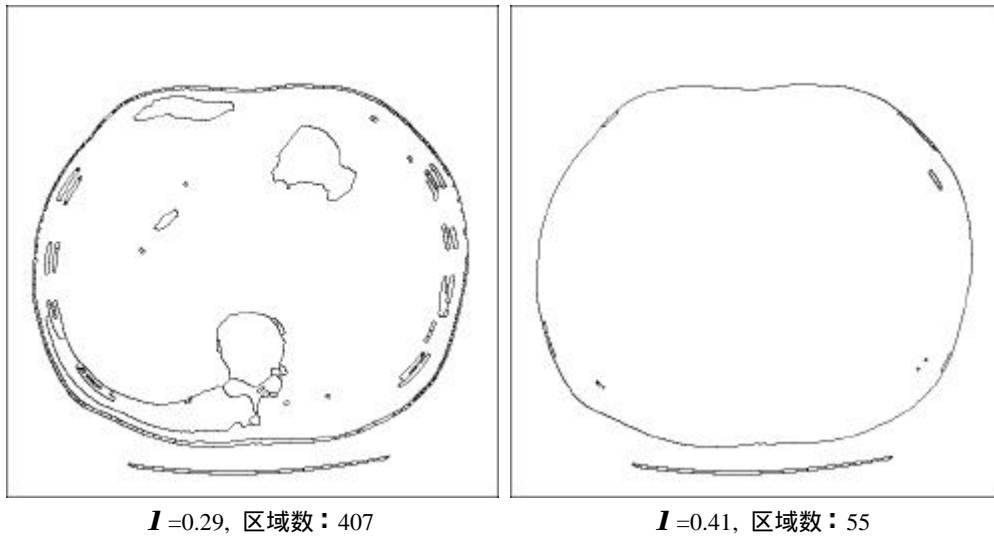


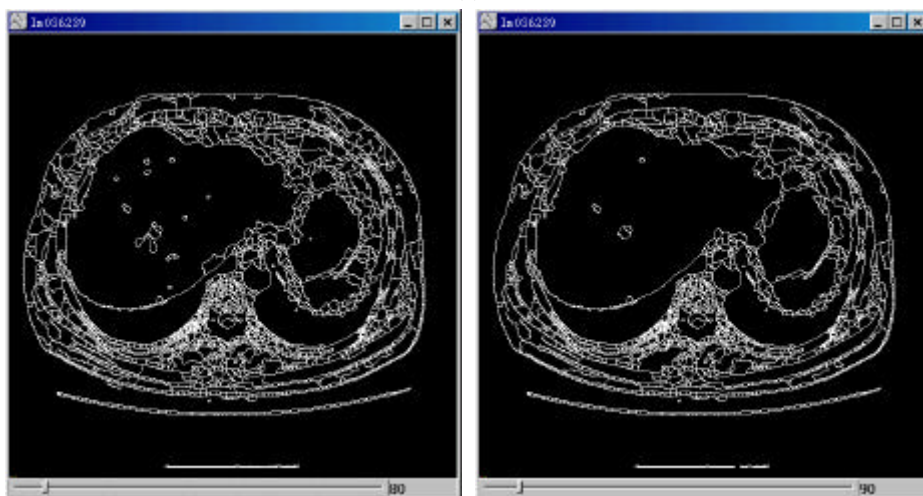
图 2.10 腹部 CT 图像的多级分水岭分割。

Fig.2.10 Multi-level watershed segmentation of hepatic CT image.

经过分水岭算法所得的肝脏区域，将被输入到 HCBIR 系统的下一级处理模块——病灶区域识别。进而从肝脏 CT 图像中分析肝脏和病灶的大小、形状、位置、纹理特征，作为描述原始图像内容的依据。



(a)



(b)

(c)



图 2.11 肝脏 CT 图像的交互式分水岭分割。(a) 原始图像, (b)  $I=0.08$  时的分割结果, (c) 将  $I$  调节到 0.09 时的分割结果, (d) 肝脏区域, (e) 肝脏区域掩模。

Fig.2.11 Interactive watershed segmentation of hepatic CT image. (a) Original image, (b) Segmentation result when  $I=0.08$ , (c) Adjusting  $I$  to 0.09 to find a satisfactory result, (d) liver region, (e) liver mask.

## 2.3 本章小结

图像分割是 HCBIR 系统的关键步骤, 它的目的是从医学图像中分割出感兴趣区域, 以便进一步提取医学图像所携带的影像学信息。本章介绍了两种图像分割算法, 作为从腹部 CT 图像中分割出肝脏区域的工具。第一种方法是基于 Snake 模型 (包括传统 Snake 和 GVF Snake) 的肝脏轮廓提取, 它能够提取出较精确、平滑、封闭的肝脏边缘。Snake 算法需要用户输入较接近肝脏边缘的初始轮廓; 需要事先设定多个参数; 图像尺寸较大时, Snake 的迭代速度较慢; Snake 的迭代过程容易受到肝脏周围组织的影响。另一种方法是基于数学形态学的分水岭分割。本文通过定义分水岭区域之间的差异性, 导出一种多级嵌套的分割结果。通过区域合并, 可以克服过分割的缺点。相对于 Snake 算法, 分水岭分割具有快速算法, 需要用户的干预较少, 分割结果精确。因此在 HCBIR 系统中将分水岭分割作为主要分割工具。

## 第3章 肝脏病灶区域的提取

医学图像中病灶区域的大小、位置、形状、纹理等特征构成了影像表现的主要内容。通常病灶区域在整幅图像中只占很少的像素。因此，从医学图像中分割出病灶区域，是对医学图像进行内容分析之前的关键一步。有相当多的文献只对脏器本身的自动或半自动分割进行了详细描述，但对从脏器中识别病灶区域没有进一步的研究[12]。本章对从肝脏中分割出病灶区域的算法进行了探讨。第一节介绍了基于有限混合器模型的病灶像素标记算法；第二节介绍一种改进的贝叶斯像素分类算法；第三节提出利用形态学滤波的方法对病灶像素集合进行后处理，形成连通的病灶区域，为下一步的特征提取做准备。

### 3.1 基于有限混合器模型的肝脏像素分类

肝脏病灶区域的识别是一个两分类的问题，即对于肝脏中的每一个像素，确定它是属于病灶区域或正常组织。肝脏的大部分病变在平扫的情况下呈现低密度影（肝硬化、钙化、碘油沉积除外），并且病变区域和正常肝组织之间没有清晰的边界。因此基于灰度均匀性的分割算法（如区域增长[68]）和依赖于灰度不连续性的分割算法（如数学形态学方法[58-60]、可形变模型[53-57]、或各种边缘提取算法[69,70]）都不能适用于肝脏病灶区域的分割。图3.1显示了肝癌的CT影像表现的情况，图3.1a是原始图像，图3.1b经过增强处理。从图3.1可以了解到肝脏病灶区域分割的难度。

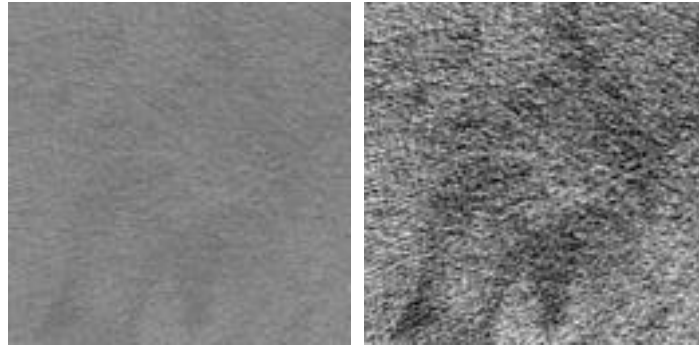


图 3.1 肝癌的 CT 影像表现。(a) 原始图，(b) 增强图。

Fig.3.1 CT manifestation of hepatic carcinoma. (a) Original image patch, (b) Enhanced image patch.

本节使用一种基于有限混合器模型的像素分类算法从肝区识别病灶像素点。这些像素点的位置分布情况将为后续步骤确定病灶区域的大致位置提供依据。

#### 3.1.1 有限混合器模型<sup>[71,72]</sup>

设  $\mathbf{x} = [x_1, x_2, \dots, x_i, \dots, x_N]$  是一个随机向量， $x_i$  是  $\mathbf{x}$  的第  $i$  个元素。 $\{\mathbf{q}_j, 1 \leq j \leq L\}$  表示  $L$  个向量，每个向量由一组参数构成。 $\{f_j(x_i | \mathbf{q}_j), 1 \leq j \leq L\}$  是由  $\{\mathbf{q}_j, 1 \leq j \leq L\}$  决定的  $L$  个概率密度函数。随机变量  $x_i$  的概率密度函数是上述  $L$  个密度函数的加权平均：

$$f(x_i | \mathbf{q}_1 \wedge \mathbf{q}_L) = \sum_{j=1}^L p_j f_j(x_i | \mathbf{q}_j) \quad (3.1)$$

其中  $\mathbf{p}_j, 1 \leq j \leq L$  是加权系数, 满足  $\mathbf{p}_j \geq 0, \forall j$ , 且  $\sum_{j=1}^L \mathbf{p}_j = 1$ 。假设  $\{x_i, 1 \leq i \leq N\}$  是独立同分布, 记  $\mathbf{p} = \{\mathbf{p}_j, 1 \leq j \leq L\}$ , 则  $\mathbf{x} = \{x_i, 1 \leq i \leq N\}$  的概率密度函数由下式表示:

$$f(\mathbf{x} | \mathbf{p}, \mathbf{q}_1 \wedge \mathbf{q}_L) = \prod_{i=1}^N \sum_{j=1}^L \mathbf{p}_j f_j(x_i | \mathbf{q}_j) \quad (3.2)$$

有限混合器模型帮助找到一组参数  $\mathbf{p}^{ML}$  和  $\mathbf{q}_1^{ML} \wedge \mathbf{q}_L^{ML}$ , 在已知  $\mathbf{x}$  的一次实现的情况下这组参数使得(3.2)式取最大值, 即:

$$\mathbf{p}^{ML}, \mathbf{q}_1^{ML} \wedge \mathbf{q}_L^{ML} \equiv \arg \max_{\mathbf{p}, \mathbf{q}_1 \wedge \mathbf{q}_L} f(\mathbf{x} | \mathbf{p}, \mathbf{q}_1 \wedge \mathbf{q}_L) \quad (3.3)$$

这时(3.2)式称为似然函数, 求解(3.3)式的过程称为最大似然 (ML) 估计。

### 3.1.2 有限混合器模型在肝脏像素分类中的应用

将有限混合器模型应用到肝脏像素分类时, 肝脏区域中所有像素点上的灰度可以表示为随机向量  $\mathbf{x}$  的一次实现, 肝脏区域中第  $i$  ( $1 \leq i \leq N$ ) 个像素点上的灰度是  $\mathbf{x}$  的随机分量  $x_i$  的一次实现。整个肝脏区域可以划分为病灶区域和正常区域, 这是一个两分类问题, 即在公式(3.1-3.3)中  $L=2$ 。假设病灶像素灰度和正常像素灰度都服从正态分布, 均值分别为  $\mathbf{m}_1$  和  $\mathbf{m}_2$ , 方差分别为  $\mathbf{s}_1^2$  和  $\mathbf{s}_2^2$ 。两种像素灰度的概率密度函数分别为:

$$f_1(x_i | \mathbf{q}_1) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\mathbf{s}_1^2}} \exp \left[ -\frac{(x_i - \mathbf{m}_1)^2}{2\mathbf{s}_1^2} \right] \quad (3.4a)$$

$$f_2(x_i | \mathbf{q}_2) = \frac{1}{\sqrt{2\pi\mathbf{s}_2^2}} \exp \left[ -\frac{(x_i - \mathbf{m}_2)^2}{2\mathbf{s}_2^2} \right] \quad (3.4b)$$

其中  $\mathbf{q}_j = \{\mathbf{m}_j, \mathbf{s}_j^2\}$ ,  $j=1,2$ 。对于这种密度函数为高斯分布的情况, Titterton[72]给出了一种期望最大 (EM) 算法来实现参数  $\mathbf{p}$  和  $\mathbf{q}_1 \wedge \mathbf{q}_L$  的 ML 估计。EM 算法遍历每一个像素  $x_i$  进行以下计算:

$$w_{ij}^{(k)} = \frac{\mathbf{p}_j^{(k)} f_j(x_i | \mathbf{m}_j^{(k)}, \mathbf{s}_j^{(k)})}{\sum_{l=1}^L \mathbf{p}_l^{(k)} f_l(x_i | \mathbf{m}_l^{(k)}, \mathbf{s}_l^{(k)})} \quad (3.5a)$$

$$\mathbf{p}_j^{(k+1)} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N w_{ij}^{(k)} \quad (3.5b)$$

$$\mathbf{m}_j^{(k+1)} = \frac{1}{N \mathbf{p}_j^{(k+1)}} \sum_{i=1}^N w_{ij}^{(k)} x_i \quad (3.5c)$$

$$[\mathbf{s}_j^2]^{(k+1)} = \frac{1}{N \mathbf{p}_j^{(k+1)}} \sum_{i=1}^N w_{ij}^{(k)} [x_i - \mathbf{m}_j^{(k+1)}]^2 \quad (3.5d)$$

在做肝脏像素分类时, 上式中  $L=2$ ,  $k$  是迭代次数。

通过(3.5)式, 可以求出参数  $\mathbf{p}$  和  $\mathbf{q}_1 \wedge \mathbf{q}_L$  的 ML 估计值。假设  $x_i$  属于第  $j$  ( $j=1,2$ ) 类像素, 记为  $s(x_i) = j$ , 那么  $x_i$  的值由第  $j$  个密度函数决定:

$$f(x_i | S(x_i) = j, \bar{\mathbf{q}}_j) = f_j(x_i | \bar{\mathbf{q}}_j) \quad (3.6)$$

根据贝叶斯规则:

$$\text{Prob}(S(x_i) = j | x_i, \bar{\mathbf{q}}_j) = \frac{\mathbf{p}_j f_j(x_i | \bar{\mathbf{q}}_j)}{f(x_i | \bar{\mathbf{q}} \wedge \bar{\mathbf{q}}_L)} \quad (3.7)$$

相对于像素点  $x_i$ ,  $f(x_i | \bar{\mathbf{q}}_1 \wedge \bar{\mathbf{q}}_L)$  是一个常数。因此, 在参数  $\bar{\mathbf{p}}$  和  $\bar{\mathbf{q}}_1 \wedge \bar{\mathbf{q}}_L$  已知的情况下, 可以通过(3.7)来计算  $x_i$  属于第  $j$  类像素的概率。 $x_i$  的标签  $S(x_i)$  取使得(3.7)式取最大值的  $j$ :

$$S(x_i) = \arg \max_j \text{Prob}(S(x_i) = j | x_i, \bar{\mathbf{q}}_j) \quad (3.8)$$

### 3.1.3 实验

#### 1 模拟图像的实验结果

为了验证有限混合模型的像素分类精度受各种参数影响的情况, 我们创建一幅模拟图像, 它由两种像素(前景和背景)构成, 如图 3.2 所示。

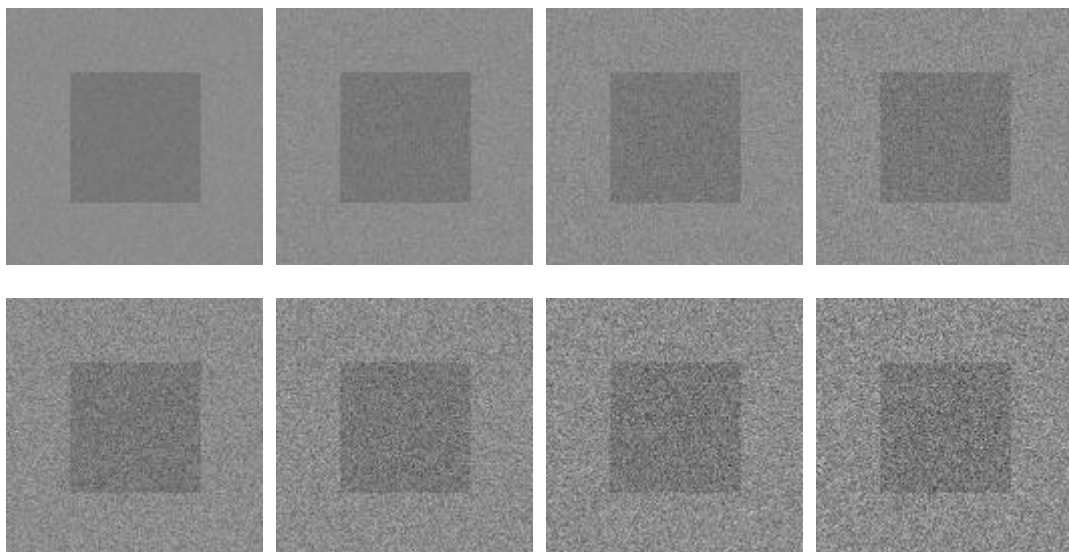
分类精度受方差影响的情况: 模拟图如图 3.2 所示, 背景灰度为 140, 前景灰度为 120, 这两种灰度与肝脏 CT 图像中正常肝组织和病变组织的灰度值比较接近。前景像素数(中间正方形区域)占图像像素总数的 1/4, 图像尺寸为  $128 \times 128$ 。在实验中, 我们向图像 3.2 中添加 0 均值高斯噪声, 然后通过有限混合模型进行像素分类, 公式(3.5)迭代次数为 500。令  $\mathbf{s}_1 = \mathbf{s}_2 = \mathbf{s}$ , 通过从小到大改变  $\mathbf{s}$ , 观察分类精度的变化情况。这里, 分类精度是指被正确判别的像素数占图像像素总数的百分比。图 3.3a 所示为原始图添加 0 均值高斯噪声以后的图像,  $\mathbf{s}$  分别取 4.0, 6.0, 8.0, 10.0, 12.0, 14.0, 16.0 和 18.0。图 3.3b 为像素分类结果, 判断为背景的像素用白色表示, 判断为前景的像素用黑色表示, 精度分别为 0.994, 0.963, 0.910, 0.868, 0.802, 0.726, 0.691, 0.675。图 3.4 表示分类精度随  $\mathbf{s}$  变化的情况。



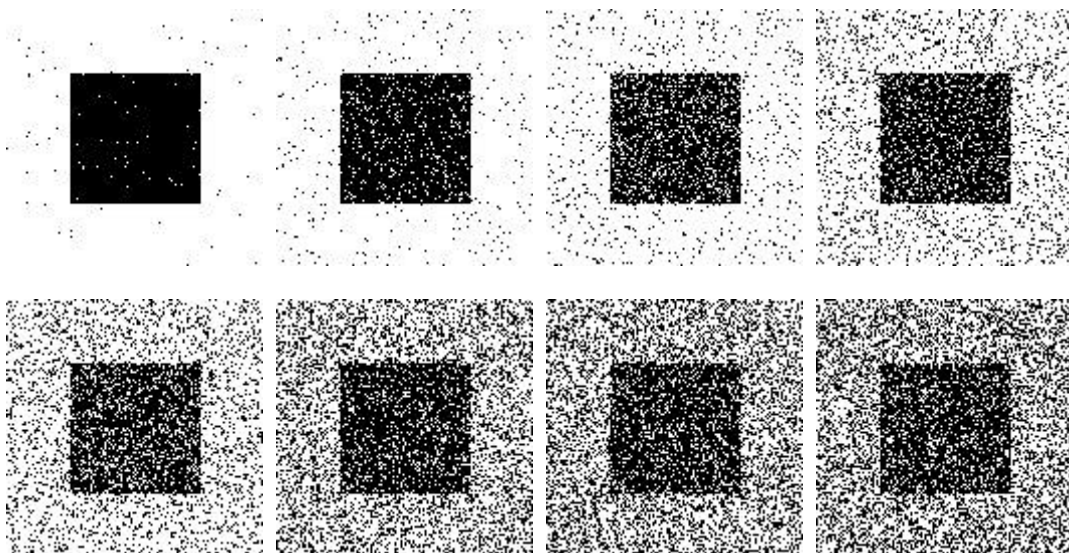
图 3.2 模拟图像,  $128 \times 128$ 。

Fig.3.2 Simulated image,  $128 \times 128$ .





(a)



(b)

图 3.3 有限混合器模型像素分类精度受噪声方差的影响。(a) 受零均值高斯噪声污染以后的图像， $s$  依次从左至右从上至下取 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18，(b) 像素分类结果，判别为背景的像素用白色表示，判别为前景的像素用黑色表示，精度依次为 0.994, 0.963, 0.910, 0.868, 0.802, 0.726, 0.691, 0.675。

Fig.3.3 Sensitivity analysis: effect of noise variance. (a) Images contaminated by zero-mean white Gaussian noise, with  $s = 4, 6, 8, 10, 12, 14, 16, 18$ , respectively, (b) Pixel classification results, pixels classified to background and foreground are shown in white color and black color, respectively. The accuracy is 0.994, 0.963, 0.910, 0.868, 0.802, 0.726, 0.691, 0.675, respectively.

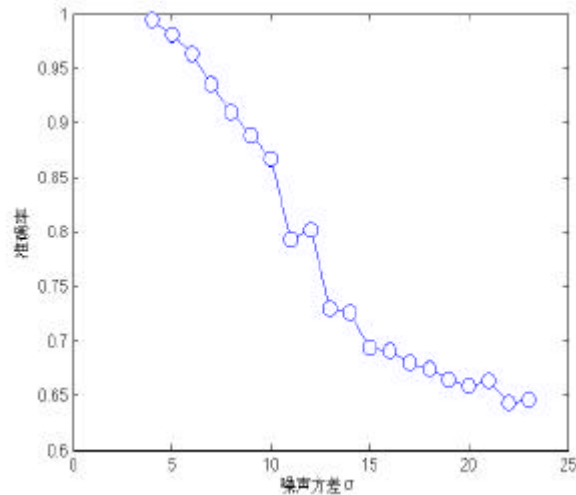
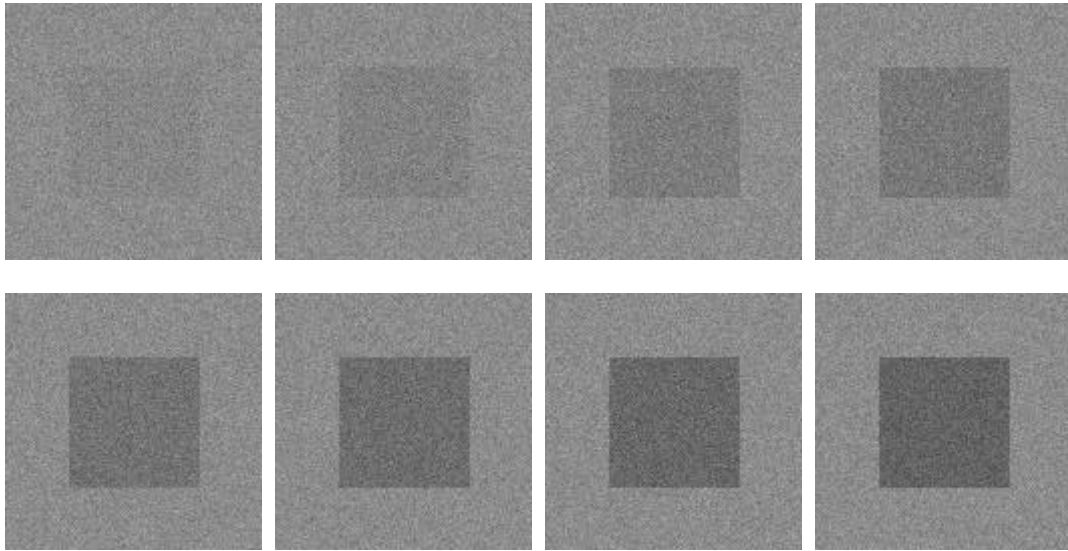


图 3.4 分类精度随噪声方差变化的情况。

Fig.3.4 Pixel classification accuracy with respective to standard deviation.

从图 3.3 和图 3.4 可以看出准确率随噪声方差的增大而减小。对于两分类问题，当前景灰度由于噪声的影响变得更低，或者背景灰度变得更高，仍然可以正确分类；对于其它情况，部分像素可以正确分类。因此对于两分类问题，分类准确率不可能降得很低。从图 3.4 中可以看出这一点，当  $\sigma$  无限增大时，准确率将总是高于 0.6。

分类精度受均值影响的情况：仍然采用类似于第一个实验中的模拟图像，背景灰度为 140。前景灰度以步长-5 从 130 到 95 进行变化（图 3.5a），向图像中添加 0 均值噪声， $\sigma_1 = \sigma_2 = 10.0$ 。然后通过有限混合模型进行像素分类，公式(3.5)迭代次数为 500。图 3.5b 为像素分类结果，判断为背景的像素用白色表示，判断为前景的像素用黑色表示，精度分别为 0.682, 0.699, 0.750, 0.858, 0.914, 0.943, 0.965, 0.980。图 3.6 表示分类精度随均值差变化的情况，横坐标表示均值相异性与方差的比。由图中可以看出均值差别越大，分类精度越高。



(a)

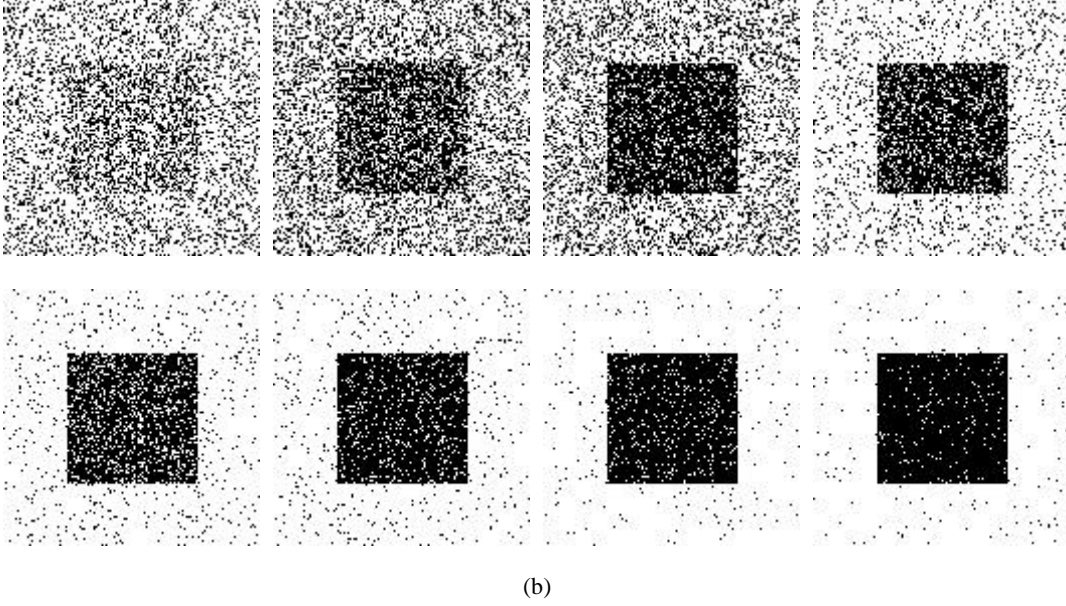


图 3.5 有限混合器模型像素分类精度随前景背景灰度均值差别改变的情况。(a) 背景灰度为 140，前景均值从 135 到 95 改变，高斯噪声的方差为 10.0，(b) 像素分类结果，判别为背景的像素用白色表示，判别为前景的像素用黑色表示，精度依次为 0.682, 0.699, 0.750, 0.858, 0.914, 0.943, 0.965, 0.980。

Fig.3.5 Sensitivity analysis: effect of the separation of background and foreground means. (a) Images with background mean 140, foreground mean is varied from 135 to 90 with a step of -5, both the background and foreground is contaminated by zero mean deviation 10 white Gaussian noise, (b) Pixel classification results, pixels classified to background and foreground are shown in white color and black color, respectively. The accuracy is 0.682, 0.699, 0.750, 0.858, 0.914, 0.943, 0.965, 0.980, respectively.

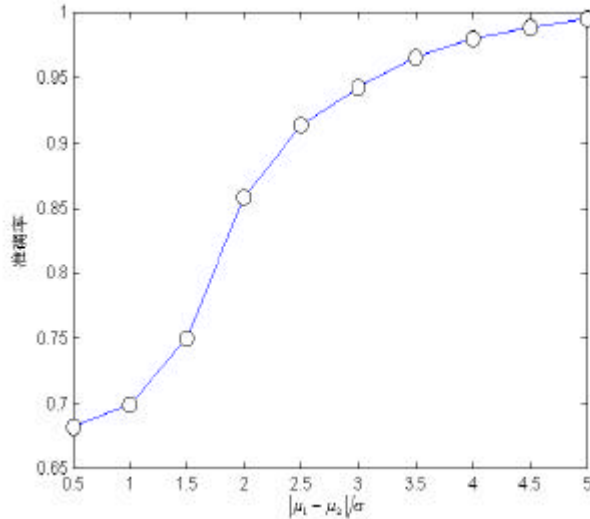
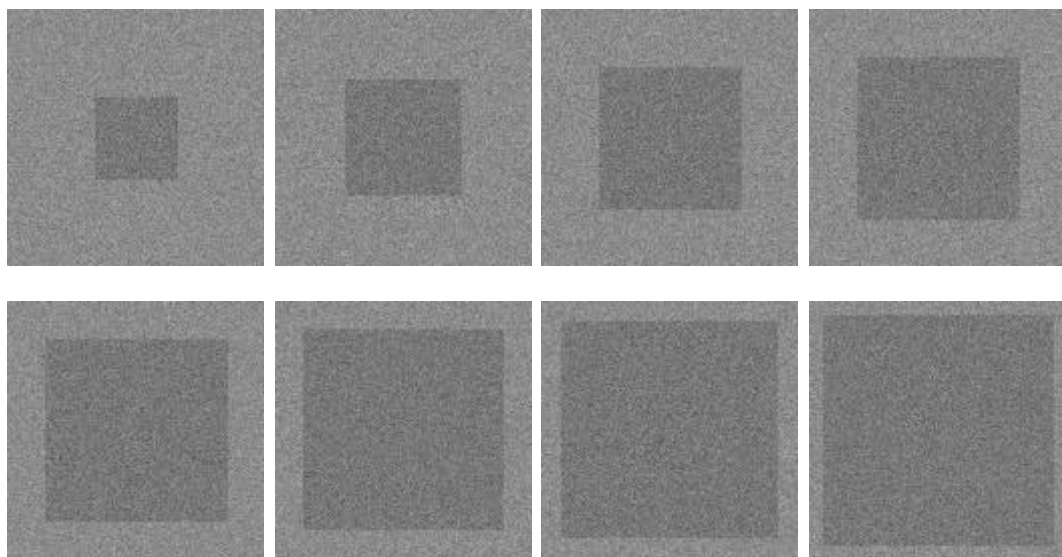


图 3.6 分类精度随均值差异程度变化的情况。

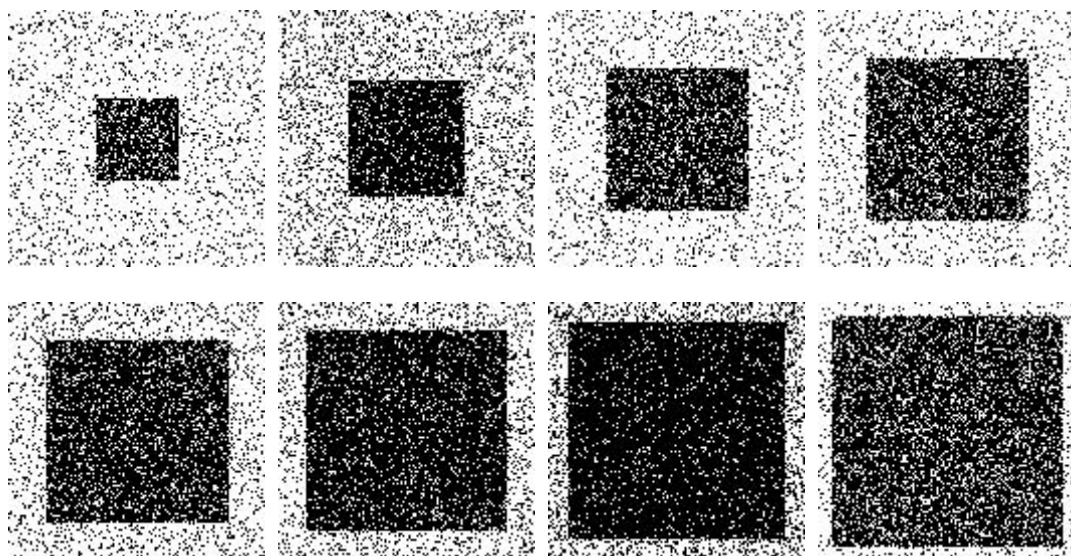
Fig.3.6 Pixel classification accuracy with respect to the separation of background and foreground means.

分类精度受前景大小影响的情况：在这个实验中，背景灰度为 140，前景灰度为 120，改变前景像素所占比例（即改变公式(3.5)中  $p_2$  的值）。高斯噪声的方差为 10.0，然后通过有限混合模型进行像素分类，公式(3.5)迭代次数为 500。图 3.7a 所示为原始图添加 0 均值高斯噪声以后的图像，前景所占的比例分别为 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8。图 3.7b 为像素分类结果，判断为背景的像素用白色表示，判断为前景的像素用黑色表示，精度分别为 0.882,

0.826, 0.859, 0.847, 0.839, 0.850, 0.865, 0.796。图 3.8 表示分类精度随 $p_2$ 变化的情况。由图 3.7 和 3.8 可以看出，分类精度不受前景所占图像比例的影响。这在肝脏的病灶分割中是有意义的，表明病灶像素分类的准确率不受病灶大小的影响。



(a)



(b)

图 3.7 有限混合器模型像素分类精度随 $p$ 改变的情况。(a) 背景灰度为 140，前景灰度为 120，高斯噪声的方差为 10.0，前景所占比例分别为 0.1, 0.2, 0.3, 0.4, 0.5, 0.6, 0.7, 0.8，(b) 像素分类结果，判别为背景的像素用白色表示，判别为前景的像素用黑色表示，精度依次为 0.882, 0.826, 0.859, 0.847, 0.839, 0.850, 0.865, 0.796。

Fig.3.7 Sensitivity analysis: effect of the percentage of foreground pixels. (a) Images with background mean 140 and foreground mean 120, deviation of Gaussian noise is 10, the percentage of foreground pixels is varied from 0.1 to 0.9 with a step of 0.1, (b) Pixel classification results, pixels classified to background and foreground are shown in white color and black color, respectively. The accuracy is 0.882, 0.826, 0.859, 0.847, 0.839, 0.850, 0.865, 0.796, respectively.

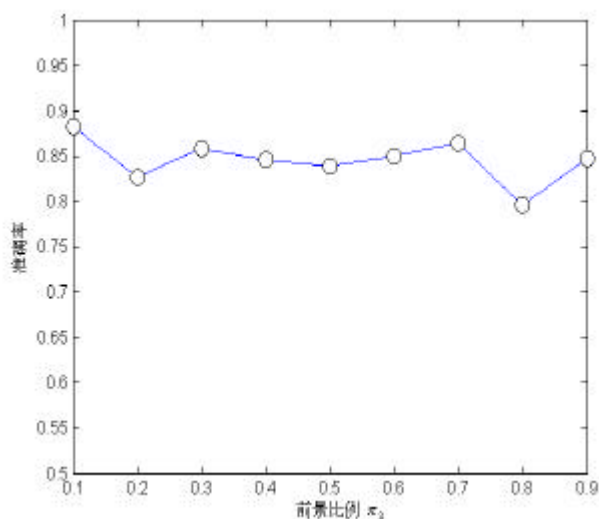
图 3.8 分类精度随  $p_2$  变化的情况。

Fig.3.8 Pixel classification accuracy with respect to the percentage of foreground pixels.

分类精度受迭代次数的影响：在这个实验中，设背景灰度为 140，前景灰度为 120，背景方差为 10.0，前景方差为 5.0。前景像素所占比例 0.25。在公式 3.5 中，取迭代初值  $m^{(0)}=160$ ， $m_2^{(0)}=100$ ； $s_1^{(0)}=s_2^{(0)}=500.0$ ； $p_1^{(0)}=p_2^{(0)}=0.5$ ；然后通过有限混合模型进行像素分类，图 3.9 所示为分类精度随迭代次数变化的情况。实验表明，迭代次数在 100 次左右时可使分类精度趋于稳定。

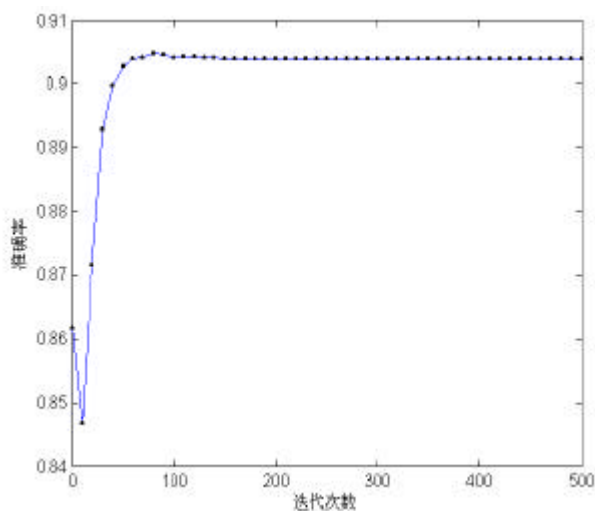


图 3.9 分类精度随迭代次数变化的情况。

Fig.3.9 Pixel classification accuracy with respect to number of iterations.

## 2 肝脏图像的实验结果

在大部分情况下，肝脏区域的像素可以分为两类：正常像素和病灶像素。因此，可以将有限混合器像素分类模型（公式(3.2)）的分类数设定为 2，从肝脏区域中分割出病灶区域。图 3.10 中左边一列列出了经分水岭分割获得的肝脏区域，右边一列给出了有限混合器模型的分割结果。图中白色表示被认为是正常组织的像素点，黑色表示被认为是病灶的像



素点。

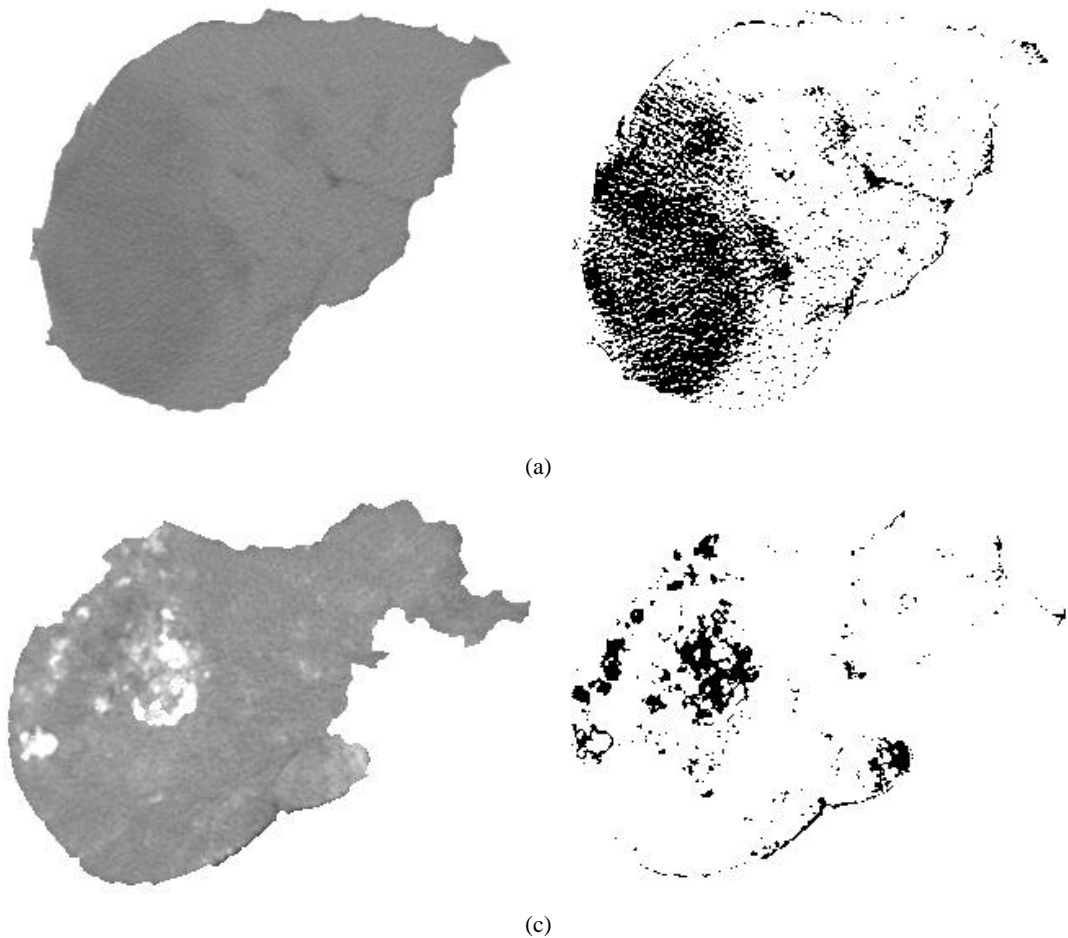


图 3.10 利用有限混合模型的肝脏像素分类结果。(a) 浸润型肝癌，(b) 肝硬化和碘油沉积。

Fig.3.10 Liver pixel classification using finite mixture. (a) Infiltrative hepatic carcinoma,  
(b) liver cirrhosis and lipiodol retention.

图 3.10a 左图在肝右叶显示出一个巨块型肝癌，右图显示了有限混合器模型的像素分类结果，可以看出在分离出的病灶区域混杂有被错分成正常像素的病变像素，因此肝癌肿瘤区呈现“云团状”显示。在 3.3 节中，我们将对病灶区域进行后处理，形成连通的病灶区域。图 3.10b 是肝硬化的 CT 图像及分割结果，钙化点可以被正确识别。

## 3.2 贝叶斯最大后验像素分类

利用 3.1 节中的混合器模型进行像素分类有两个不足：①没有利用像素的局部相关性，即互相邻接的像素属于同一类的可能性很大。②通过公式(3.3)所获取的是参数 $\bar{\mathbf{p}}$ 和 $\bar{\mathbf{q}}_1 \wedge \bar{\mathbf{q}}_L$ 的 ML 估计，但像素的分类结果不是最大似然的（式(3.8)）。Gopal[73]提出了一种贝叶斯最大后验（MAP）像素分类算法结合了像素之间的局部相关性，克服了以上两点不足。

### 3.2.1 贝叶斯分类模型<sup>[73]</sup>

#### 1 似然函数

设  $x_i, \{q_j, 1 \leq j \leq L\}, \{f_j(x_i|q_j), 1 \leq j \leq L\}$  仍如 3.1.1 小节中定义。令  $\bar{p}_i = [p_{i1}, \dots, p_{iL}]$  ( $1 \leq i \leq N$ ) 表示  $x_i$  属于第  $j$  类的概率,  $0 \leq p_{ij} \leq 1, \sum_{j=1}^L p_{ij} = 1$ 。在  $\{\bar{p}_i\}$  和  $\{q_j\}$  已知的情况下, 随机变量  $x_i$  的概率密度函数由下式表示:

$$f(x_i | \bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L) = \sum_{j=1}^L p_{ij} f_j(x_i | q_j) \quad (3.9)$$

假设  $\{x_i, 1 \leq i \leq N\}$  是独立同分布, 则  $\bar{x} = \{x_i, 1 \leq i \leq N\}$  的概率密度函数由下式表示:

$$f(\bar{x} | \bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L) = \prod_{i=1}^N \sum_{j=1}^L p_{ij} f_j(x_i | q_j) \quad (3.10)$$

#### 2 先验函数

为了引入相邻像素之间具有相关性这一先验知识, 假设  $\{\bar{p}_i\}$  是一个马尔可夫随机场 (MRF), 它的吉布斯 (Gibbs) 概率密度函数为:

$$f(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N) = \frac{1}{K_b} \exp[-U(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N)] \quad (3.11)$$

这里

$$U(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N) = b \sum_{c \in C} V_c(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N) \quad (3.12)$$

$C$  代表图像中所有阈值的集合,  $b$  和  $K_b$  是标量常数。函数  $V_c(\bullet)$  称为阈值  $c$  上的势函数。如果采用 4-邻域图像栅格和 2-像素阈值, 那么  $C$  包含两种阈值类型: 水平邻接像素对和垂直邻接像素对 (图 3.11)。  $V_c(\bullet)$  可定义为:

$$V_c(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N) = \sum_{j=1}^L (p_{i_1 j} - p_{i_2 j})^2 \quad (3.13)$$

其中  $i_1, i_2$  表示阈值  $c$  中的两个像素点。

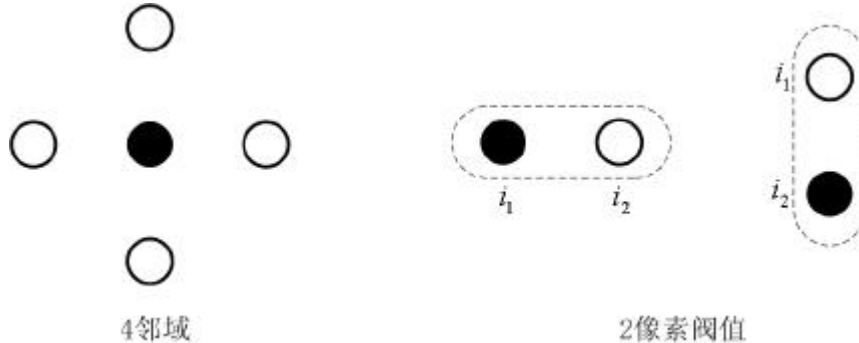


图 3.11 4 邻域和 2 像素阈值

Fig.3.11 4-pixel neighborhood and associated cliques.

从公式 (3.11-13) 可以看出, 如果相邻像素之间的  $\bar{p}_i$  值彼此接近, 那么概率密度函数  $f(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N)$  取较大的值, 相反  $f(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N)$  取较小的值。从而对马尔可夫随机场  $\{\bar{p}_i\}$  施加了平

滑性约束。在像素分类时，这种平滑性约束对应于“相邻像素属于同一类的可能性较大”这一先验知识。

### 3 后验函数

已知似然函数和先验函数，根据贝叶斯规则，后验函数由下式给出：

$$f(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L | \bar{x}) = \frac{f(\bar{x} | \bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L) f(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L)}{r(\bar{x})} \quad (3.14)$$

这里  $f(\bar{x} | \bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L)$  由公式 (3.10) 定义， $r(\bar{x})$  在向量  $\bar{x}$  确定的情况下是一个常数。如果每类像素的灰度值服从高斯分布，即  $\bar{q}_j = [\bar{m}_j, \bar{s}_j^2]$ 。设  $\{\bar{m}_j\}$ 、 $\{\bar{s}_j^2\}$  和  $\{\bar{p}_i\}$  独立无关，并且  $\{\bar{m}_j\}$  和  $\{\bar{s}_j^2\}$  服从均匀分布，则有：

$$f(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L) = f(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N) f(\bar{m}_1 \wedge \bar{m}_L) f(\bar{s}_1^2 \wedge \bar{s}_L^2) \quad (3.15)$$

其中  $f(\bar{m}_1 \wedge \bar{m}_L)$  和  $f(\bar{s}_1^2 \wedge \bar{s}_L^2)$  是常数。 $\{\bar{p}_i\}$  和  $\{\bar{q}_j\}$  的最大后验估计可以表示为：

$$\bar{p}_1^{MAP} \wedge \bar{p}_N^{MAP}, \bar{q}_1^{MAP} \wedge \bar{q}_L^{MAP} \equiv \arg \max_{\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L} f(\bar{p}_1 \wedge \bar{p}_N, \bar{q}_1 \wedge \bar{q}_L | \bar{x}) \quad (3.16)$$

Gopal 提出一种广义 EM 算法用于求解公式(3.16)，详细情况参照文献[73]。

### 3.2.2 贝叶斯像素分类和混合器像素分类比较

由于贝叶斯分类器引入了像素之间的局部相关性，因此贝叶斯像素分类结果更精确。图 3.12 给出一个贝叶斯像素分类和混合器像素分类算法的例子。3.12a 是原始图，前景占 50%，高斯噪声的方差为  $\bar{s}_1 = \bar{s}_2 = 5.0$ ，前景和背景的均值分别为 120, 140。图 3.12b 是有限混合器分类结果，准确率=0.9781。图 3.12c 是贝叶斯分类结果， $\bar{b}=0.005$ ，准确率=0.9971。从图像中可以明显看出贝叶斯分类算法的优势。图 3.13 给出了两种算法用于肝脏像素分类的例子。3.13a 是一幅肝癌 CT 图像的剪切图，可以看到不规则低密度影，病变组织和正常组织没有明显的界限。图 3.13b 是混合器像素分类结果，黑色区域表示病变像素。图 3.13c 是贝叶斯像素分类结果。比较图 3.13b 和图 3.13c 可以看到贝叶斯像素分类算法从一定程度上保持了病变区域和正常区域的连通性。这在病灶区域提取中是有意义的，因为虽然病变组织的生长呈现出不规则性，但病变细胞的生长分化在空间上具有连续性。

虽然贝叶斯像素分类算法具有较高的准确率，但求解过程复杂，运算速度慢，对于  $128 \times 128$  大小，256 个灰度级，两类像素的图像，利用广义 EM 算法迭代求解公式(3.16)在奔腾 III，1000MHz 的机器上运算需要 1 个小时以上才能收敛。因此本文只对其进行简单讨论。混合器模型用于像素分类时，准确率虽然相对较小，但收敛速度快。本文像素分类的目的是为了在后文中实施感兴趣区域的特征提取，因此对像素分类的准确率没有太高的要求，混合器模型在像素分类时有较快的运算速度，满足 HCBIR 系统的要求。



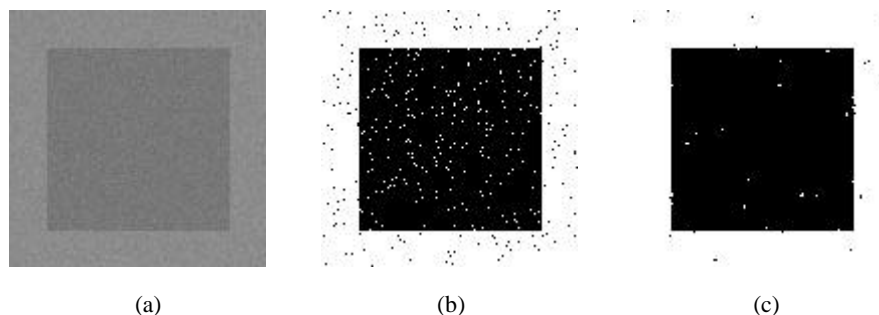


图 3.12 贝叶斯像素分类和混合器像素分类比较：模拟图。(a) 原始图，前景占 50%，高斯噪声的方差为  $\mathbf{S}_1 = \mathbf{S}_2 = 5.0$ ，前景和背景的均值分别为 120, 140，(b) 混合器分类结果，准确率=0.9781，(c) 贝叶斯分类结果，准确率=0.9971。

Fig.3.12 Comparison of Bayesian pixel classification and finite mixture model for simulated image. (a) Original image, percentage of foreground pixels is 50%, deviation of Gaussian noise is  $\mathbf{S}_1 = \mathbf{S}_2 = 5.0$ , means of foreground and background is 120 and 140, respectively, (b) Classification by finite mixture model with accuracy of 0.9781, (c) Classification by Bayesian model with accuracy of 0.9971.

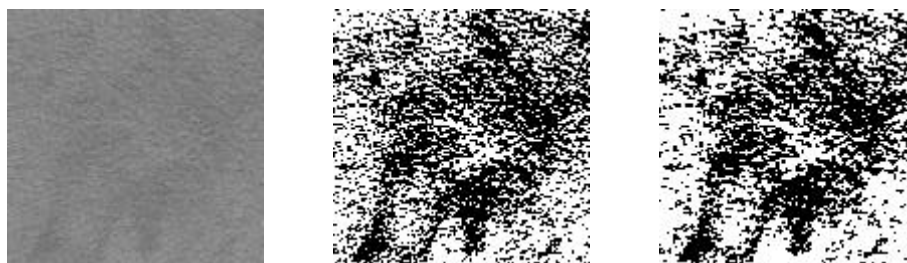


图 3.13 贝叶斯像素分类和混合器像素分类比较：肝癌 CT 图像。(a) 原始肝脏图像片断，(b) 混合器分类结果，(c) 贝叶斯分类结果。

Fig.3.13 Comparison of Bayesian pixel classification and finite mixture model for liver CT image patch.

(a) Hepatic carcinoma CT image patch, (b) Classification by finite mixture model, (c) Classification by Bayesian model.

### 3.3 病变区域的形态学滤波

经混合器或贝叶斯像素分类算法获得的肝脏病变像素仍然和正常肝组织像素混合在一起，病变区域呈“云团状”显示（图 3.10, 3.13）。但是在特征提取时，需要事先知道连通的病变区域。本节将利用形态学滤波的方法，通过对正常区域的腐蚀和膨胀运算，滤除病灶区域中散在的正常像素点。

#### 3.3.1 腐蚀和膨胀<sup>[94,95]</sup>

腐蚀和膨胀是对图像中的区域进行的一种运算。若  $R$  表示某个区域中所有像素点的集合， $\bar{R}$  表示  $R$  的补集， $E = Z^2$  表示二维图像栅格， $\bar{R} \cup R = E$ ， $\bar{R} \cap R = \emptyset$ 。腐蚀就是反复地消除  $R$  的边界点（或临近边界的点），并用将这些点添加到  $\bar{R}$  中去。而膨胀就是反复地将  $\bar{R}$  的边界点（或临近边界的点）加入到  $R$  中去。更严格地，设  $B$  是中心在原点的中心对称的结构单元，如图 3.14 所示。设  $B_z$  表示  $B$  平移到像素  $z$  以后的结构单元。

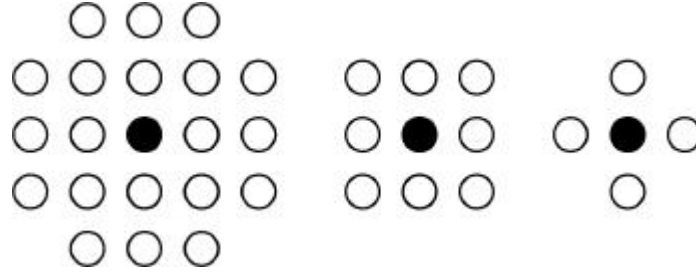


图 3.14 三种结构单元。

Fig.3.14 Three types of structure element.

区域  $R$  的腐蚀运算可以表示为:

$$R \ominus B = \{z | z \in E, B_z \subseteq R\} \quad (3.17)$$

区域  $R$  的膨胀运算可以表示为:

$$R \oplus B = \{z | z \in E, B_z \cap R \neq \emptyset\} \quad (3.18)$$

腐蚀变换  $R \ominus B$  是把结构元素  $B$  平移到  $z$  得到  $B_z$ , 使  $B_z$  包含于  $R$  的所有点  $z$  构成的集合。膨胀运算  $R \oplus B$  是把结构元素  $B$  平移到  $z$  得到  $B_z$ , 使  $B_z$  和  $R$  的交集不为空的所有点  $z$  构成的集合。

### 3.3.2 连通病灶区域的生成

经混合器或贝叶斯像素分类所生成的包含正常像素和病变像素的二值图像中, 正常像素和病变像素混合在一起, 不利于病灶区域的特征提取。通过对正常区域的形态学处理, 可以生成连通的病灶区域。图 3.15a 所示是一幅模拟图像, 背景和前景的均值分别为 140 和 120, 方差皆为 10.0。图 3.15b 是经混合器模型的像素分类结果, 可以看到明显的像素混杂现象。图 3.15c 是对图 3.15b 中的背景(白色)进行形态学腐蚀以后的结果。图 3.15d 是继续进行一次形态学膨胀的结果。经过两次形态学滤波可以看到前景区域被大致分割出来。图 3.16a 是一幅肝脏 CT 图像, 在肝左叶有一巨块型肝癌。经混合器像素分类的结果显示在图 3.16b。3.16c 是对正常区域(白色)经过二次腐蚀以后的结果。继续进行二次形态学膨胀过滤, 可以得到如图 3.16d 所示的结果。最终分割出的肝脏病灶区域显示在图 3.16e 中。

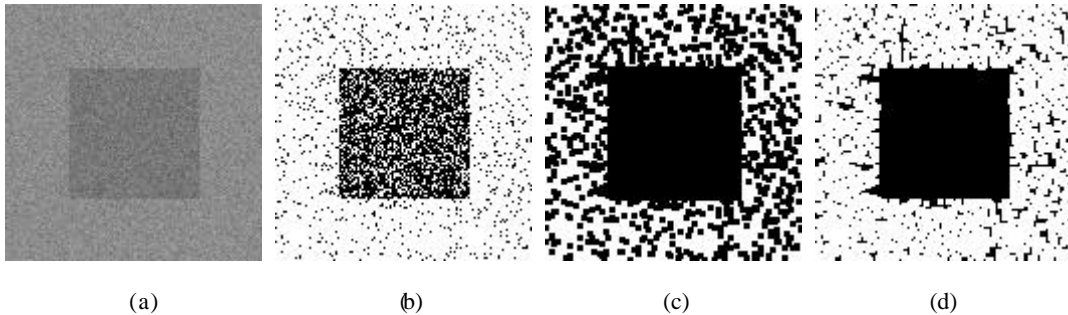


图 3.15 模拟图的前景区域识别结果。(a) 模拟图像, (b) 有限混合器模型像素分类结果, (c) 对背景实施一次形态学腐蚀, (d) 继续对背景实施一次形态学膨胀。

Fig.3.15 Foreground identification using morphological filtering. (a) Simulated image, (b) Pixel classification result using finite mixture model, (c) Morphological erosion on background, (d) Continually morphological dilation on background.

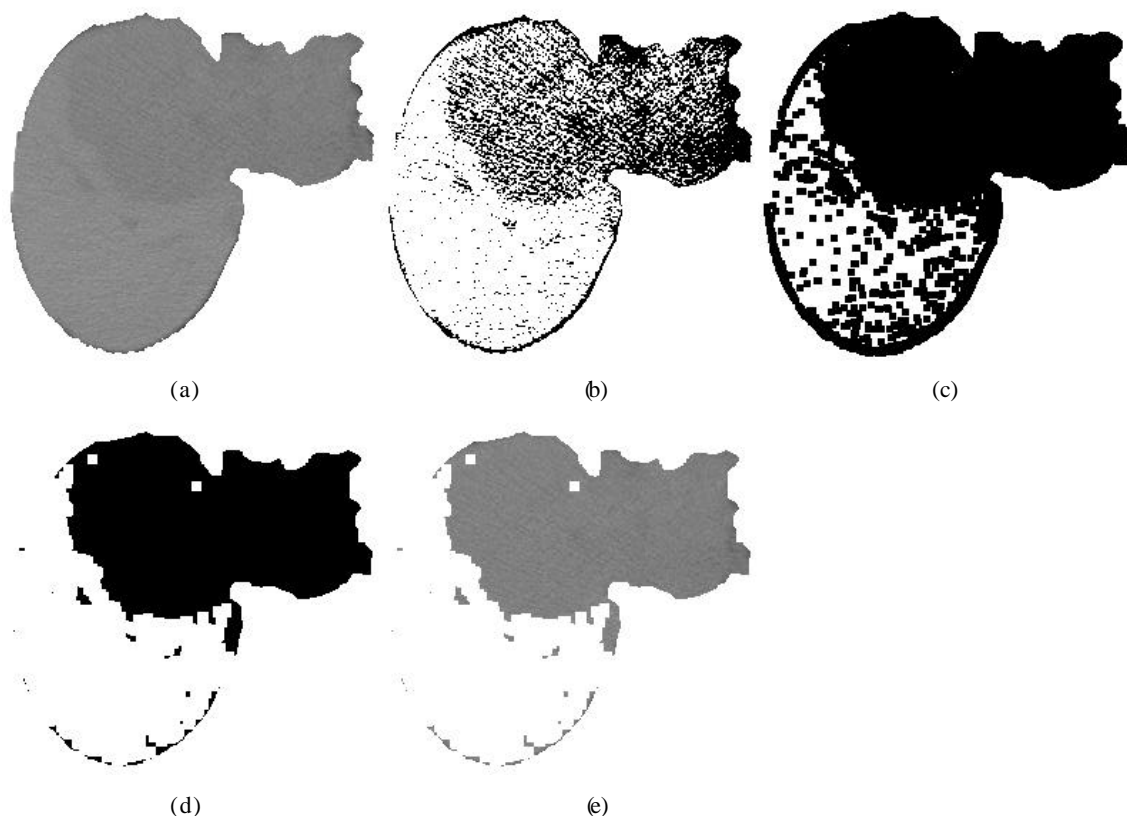


图 3.16 肝脏图像病灶区域的识别结果。(a) 从分水岭分割得到的肝脏区域，(b) 有限混合器模型的像素分类结果，(c) 形态学腐蚀，(d) 形态学膨胀，(e) 经混合算法得到的肝脏病灶区域。

Fig.3.16 Diseased area identification using morphological filtering. (a) Liver region generated by watershed segmentation, (b) Pixel classification by finite mixture model, (c) morphological erosion, (d) morphological dilation, (e) diseased area produced by the hybrid algorithm.

### 3.4 本章小结

肝脏病变区域即肝脏 CT 图像中的感兴趣区域，它的分割是 HCBIR 系统的关键一环。只有在肝脏病变区域已知的基础上，才能对其实施特征提取和内容分析。本章提出了一种肝脏病灶区域提取的混合算法，它首先通过混合器模型对肝脏区域实施像素分类，判断出属于病灶区域的像素点。接下来通过形态学滤波的方法滤除病灶区域中散在的正常像素点，获得连通的病灶区域，为下一步的特征提取做准备。

## 第4章 基于肝脏形状特征的腹部CT图像检索

放射科医生在描述一幅腹部CT图像的影像表现时，通常要涉及三方面的内容：肝脏的特征、病灶的特征、其它器官和解剖部位的特征（如脾、肾和胰腺）。本文主要讨论肝脏和病灶的特征提取算法。肝脏的特征主要包括肝脏是否增大、形状规则性、边缘光滑性、以及肝裂是否增宽。病灶的特征主要是指病灶的位置（即所处肝段）、大小、纹理。本章介绍肝脏的特征提取算法，下两章介绍病灶的特征提取算法。

### 4.1 肝脏的大小

肝脏的大小可以通过肝脏区域的面积和腹部横断面面积的比值来判断。第2章给出了肝脏区域的分割算法。腹部横断面即CT图像中黑色背景的内轮廓所围成的区域。设肝脏和腹部横断面的轮廓可以分别表示为二维平面上的两条参数化曲线： $s_h(t)=(x_h(t), y_h(t))$ ,  $s_b(t)=(x_b(t), y_b(t))$ ,  $0 \leq t \leq 1$ 表示，这里假设曲线方向为逆时针。根据格林公式，肝脏和腹部横截面的面积分别为：

$$A_h = \frac{1}{2} \int_0^1 (x_h(t)y_h'(t) - y_h(t)x_h'(t))dt \quad (4.1a)$$

$$A_b = \frac{1}{2} \int_0^1 (x_b(t)y_b'(t) - y_b(t)x_b'(t))dt \quad (4.1b)$$

在离散情况下，肝脏和腹部的轮廓曲线分别表示为  $\{s_h(m)\} = \{x_h(m), y_h(m)\}$ ,  $1 \leq m \leq M$  和  $\{s_b(n)\} = \{x_b(n), y_b(n)\}$ ,  $1 \leq n \leq N$ ，它们的面积分别为：

$$A_h = \frac{1}{2} \sum_{m=1}^M [x_h(m)y_h'(m) - y_h(m)x_h'(m)] \quad (4.2a)$$

$$A_b = \frac{1}{2} \sum_{n=1}^N [x_b(n)y_b'(n) - y_b(n)x_b'(n)] \quad (4.2b)$$

式中  $x_h'(m) = x_h(m) - x_h(m-1)$ ,  $y_h'(m) = y_h(m) - y_h(m-1)$ ,  $x_b'(n)$  和  $y_b'(n)$  由同样的运算得到。

经过以上运算，描述肝脏大小的参数表示为肝脏面积与腹部截面积的比例，用参数  $p_A$  表示：

$$p_A = \frac{A_h}{A_b} \quad (4.3)$$

根据上式，可以通过选取两个阈值  $p_A^U > p_A^L$ ，然后根据下面的规则判断肝脏是否增大：

如果  $p_A \geq p_A^U$ ，肝脏体积增大；

如果  $p_A \leq p_A^L$ ，肝脏体积缩小；

其它情况，肝脏体积正常；

图4.1a是一个肝脏体积增大的例子，图4.1b是它的分水岭分割图。肝脏的面积和腹腔横截面的面积分别是49369（像素）和104396（像素），参数  $p_A=0.473$ 。图4.1c是肝脏体积缩小的例子，图4.1d是它的分水岭分割图。肝脏的面积和腹腔横断面的面积分别为31796

(像素) 和 123170 (像素), 参数  $p_A=0.258$ 。

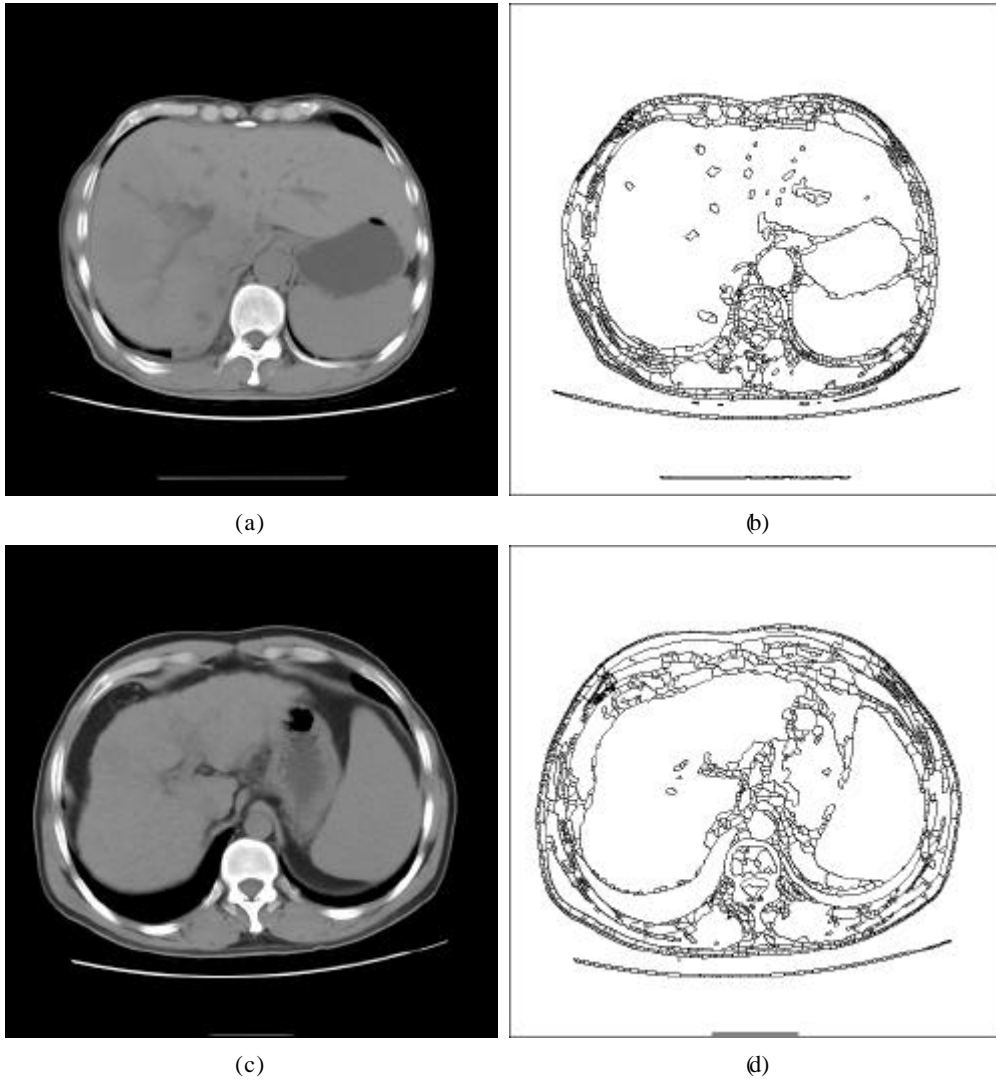


图 4.1 肝脏体积示例。(a) (b) 肝脏体积增大，和它的分水岭分割结果，  
(c) (d) 肝脏体积缩小，和它的分水岭分割结果。

Fig.4.1 Area of liver regions. (a) and (c) are examples of livers with increased size and reduced size, respectively.  
(b) and (d) are their respective watershed edge images.

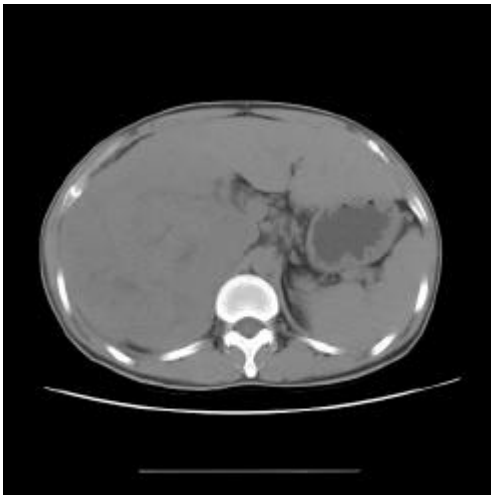
为了估计出参数  $p_A^U$  和  $p_A^L$  的值，我们选取了体积增大、体积缩小、体积正常的肝脏图像各 10 幅。表 4.1 给出了这些图像的  $p_A$  值。可以选取  $p_A^U$  和  $p_A^L$  分别为三个平均值的 1/2 中间值，即  $p_A^U=0.372$ ， $p_A^L=0.287$ 。

表 4.1 30 幅肝脏 CT 图像的  $p_A$  值。Table 4.1 Values of parameter  $p_A$  for 30 hepatic CT images.

	$p_A$		
	体积增大	体积正常	体积缩小
0.522	0.387	0.198	
0.423	0.290	0.291	
0.388	0.331	0.275	
0.365	0.335	0.286	
0.443	0.297	0.240	
0.475	0.356	0.237	
0.392	0.307	0.265	
0.302	0.294	0.205	
0.424	0.327	0.239	
0.450	0.335	0.244	
平均	0.418	0.326	0.248

## 4.2 肝脏轮廓的 Snake 包络

经过分水岭分割获得的肝脏区域的边缘比较粗糙（参看图 4.2d），并且肝门一侧的轮廓曲线的规则性也较差，这将影响肝脏形状特征的提取。因此，在分析肝脏的形状特征以前，有必要对其进行预处理。在第 2 章中我们介绍了 Snake 轮廓提取算法（参看 2.1 节）。Snake 是指可以在图像平面上动态演进自动搜索目标轮廓的可形变曲线。它的内力由弹性力和刚性力构成，外力由图像上的灰度变化来决定。内力可以保证曲线的光滑性和弹性，外力引导曲线向目标边缘演进。在这里，我们以肝脏区域的二值掩模图像为 Snake 搜索的目标图像（图 4.2c）。为了获取 Snake 的初始轮廓，首先对肝脏掩模进行形态学膨胀处理（参看 3.3 节）。图 4.2e 显示了以  $3 \times 3$  邻域为结构单元进行 10 次形态学膨胀以后的结果。以形态学膨胀后的肝脏掩模的轮廓作为 Snake 初始轮廓（图 4.2f,g）搜索肝脏区域的边缘。由于 Snake 曲线受到弹性力和刚性力的约束，因此最终搜索到的是一条平滑的肝脏轮廓（本文称之为肝脏区域的 Snake 包络），从而可以消除肝脏轮廓不光滑性对后续特征提取的影响。图 4.2h 给出了 Snake 的搜索结果（ $a=2, b=6$ ）。最终的 Snake 包络显示在图 4.2i 中。



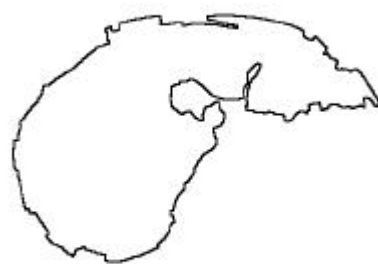
(a)



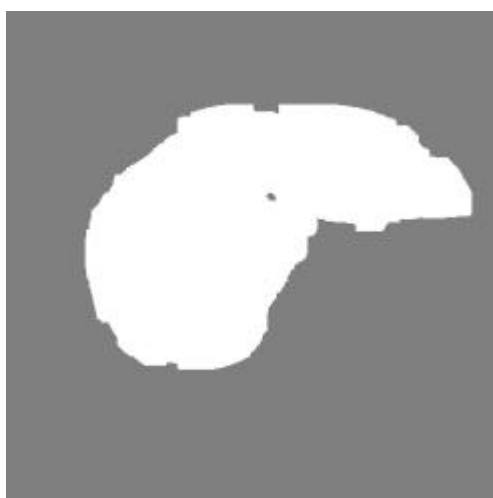
(b)



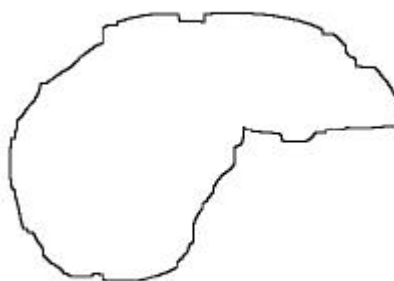
(c)



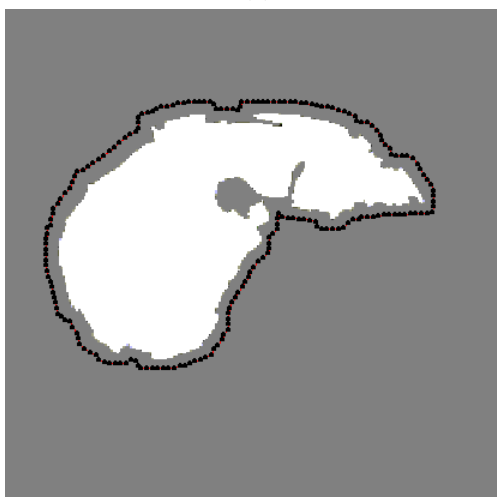
(d)



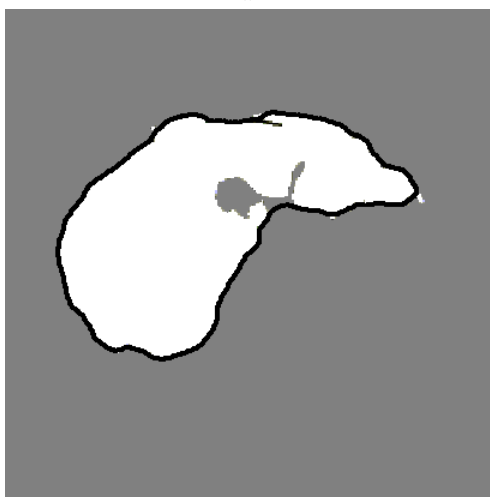
(e)



(f)



(g)



(h)



(i)

图 4.2 肝脏区域的 Snake 包络。(a) 原始图像，(b) 肝脏区域，(c) 肝脏掩模，(d) 粗糙的肝脏区域轮廓，(e) 经形态学膨胀以后的肝脏掩模，(f-g) 肝脏掩模轮廓作为初始 Snake 轮廓，(h-i) Snake 包络。

Fig.4.2 Snake envelope curve of liver region. (a) Original image, (b) Liver region, (c) Liver mask, (d) Rough liver contour, (e) Liver mask after morphological dilation, (f-g) Liver mask contour as initial snake, (h-i) Snake envelope curve.

### 4.3 肝脏的形状规则性

正常肝脏的外形，上面呈圆顶状，下面由于胃、肾、结肠等器官的压迹以及肝门的存在而呈现不规则的结构。在 CT 表现上，肝脏区域的外侧（靠肋骨一侧）呈光滑的弧形，内侧呈现复杂的结构。肝脏形状的规则性是肝脏影像表现需要记述的内容之一。对于肝脏的许多病变（如某些肝癌和肝硬化时），肝脏的形状将变得不规则。本节我们通过分析肝脏外侧缘的形状特征来描述肝脏的形状规则性。

#### 4.3.1 肝脏轮廓的最长轴提取

由于肝脏肝门一侧的结构比较复杂，形状规则和不规则的肝脏在肝门一侧的影像表现没有明显的区别。因此我们主要通过分析肝脏外侧缘的结构来描述肝脏的形状规则性。肝脏外侧缘的划分通过提取肝脏区域的最长轴来实现。设  $s_h(t)$  表示肝脏的轮廓曲线（这里指 Snake 包络），它的最长轴是指  $s_h(t)$  上距离最大的两点所连的线段（图 4.3a）。设  $AB$  表示最长轴，且  $A, B \in s_h(t)$ ，则有：

$$d(A, B) = \max_{X, Y \in s_h(t)} d(X, Y)$$



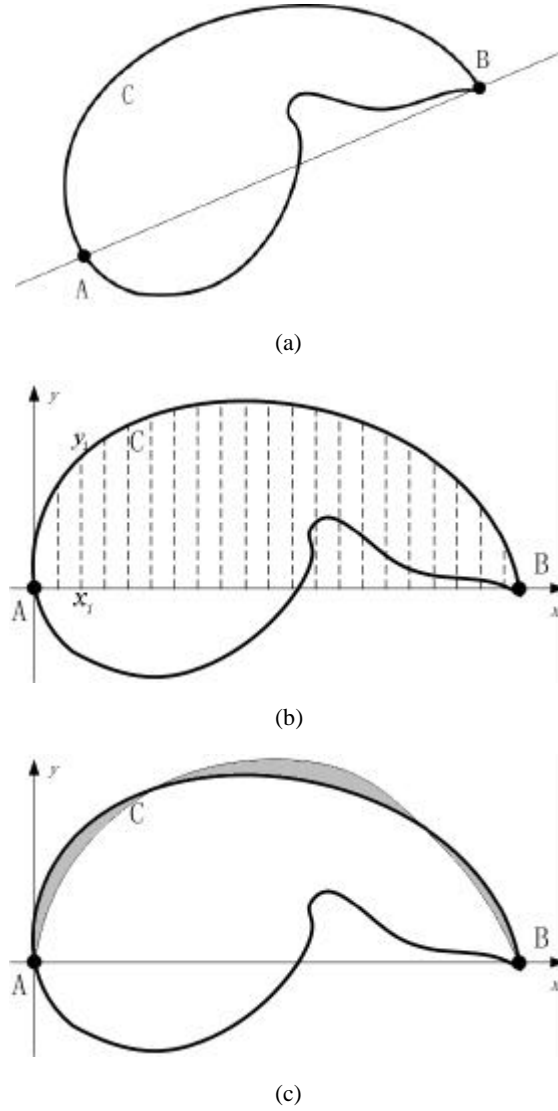


图 4.3 肝脏的形状规则性分析。(a) 肝脏区域最长轴提取，  
(b) 肝脏外侧缘上离散点的采集，(c) 曲线拟合误差。

Fig.4.3 Liver shape regularity analysis. (a) Long axis of liver,  
(b) Control points sampling, (c) Error of cubic polynomial fitting.

### 4.3.2 形状规则性

为了分析肝脏的形状规则性，只考虑肝脏外侧缘，即图 4.3 中的直线  $AB$  以上部分的形状。这里，我们假设  $B$  点是靠近肝尖（指肝左叶最外侧端）的一点。对于形态正常的肝脏，这部分的形状通常可以表示为一条光滑的弧线和弦  $AB$  相交的情况。当肝脏形态不规则时，弧线变得较扭曲。为了分析这分部的规则性，考虑以  $A$  为坐标原点，以  $AB$  为  $x$  轴，以过  $A$  点垂直于  $AB$  的直线为  $y$  轴。肝脏的形状规则性通过以下方法计算：

从弧线  $ACB$  上采集一组离散点。将线段  $AB$  等间隔划分成  $n$  个点： $A = x_1, x_2, \dots, x_n = B$ ，针对每一点  $x_i$ ，记过  $x_i$  的垂线与弧线  $ACB$  的交点到  $x$  轴的距离为  $y_i$ （图 4.3b）。这样得到一组坐标点： $(x_i, y_i)$ ， $1 \leq i \leq n$ 。

对这组离散点进行三次多项式拟合。令  $y = p(x)$  是对  $(x_i, y_i)$  进行最小二乘曲线拟合所得的三次多项式。通过下式计算拟合误差：

$$e = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (p(x_i) - y_i)^2$$

$e$  越大、拟合误差越大、肝脏形状越不规则； $e$  越小、拟合误差越小、肝脏形状相对规则。考虑到当肝脏面积较小时，即使形状不规则，它的外侧缘的多项式拟合的误差仍然可能很小。因此我们将  $e$  做如下修正使其作为判断肝脏形状规则性的参数：

$$e = \frac{K}{A_h n} \sum_{i=1}^n (p(x_i) - y_i)^2 \quad (4.4)$$

式中， $A_h$  是肝脏的面积； $K$  是一个较大的常数，目的是为了防止上式过小；根据实验，我们选取  $K = 10^4$ （像素）。

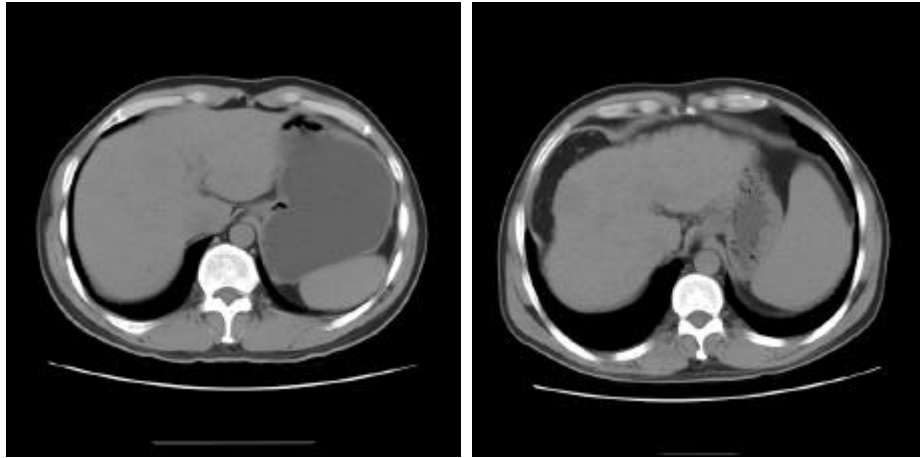
根据上式，可以通过选取一个阈值  $e^T$ ，然后根据下面的规则判断肝脏的形状规则性：

如果  $e \geq e^T$ ，肝脏形状不规则；

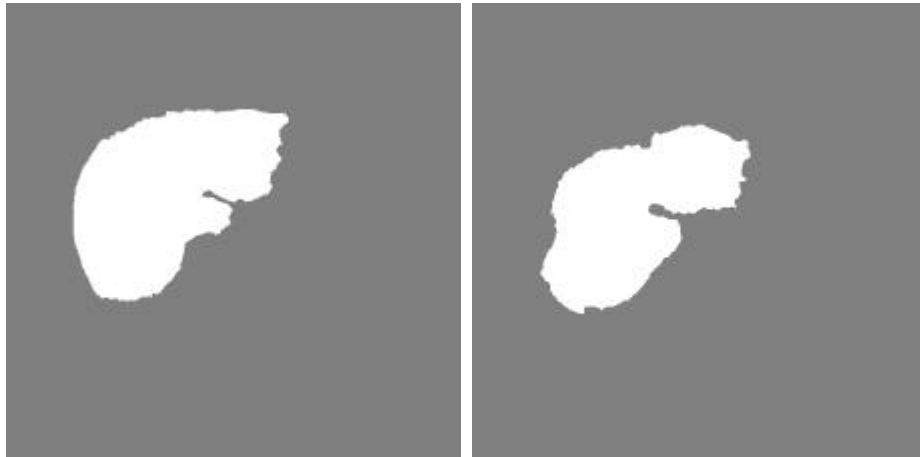
否则，肝脏形状规则；

### 4.3.3 实验

图 4.4a 分别给出了两幅肝脏 CT 图像，左边一幅显示了形状规则的肝脏，另一幅显示了形状不规则的肝脏。图 4.4b 给出了两幅图像的肝脏区域掩模。图 4.4c 显示了两个肝脏外侧边缘的三次多项式拟合。其中灰色轮廓线表示肝脏区域的 Snake 包络，虚线表示三次多项式曲线，直线  $AB$  表示最长轴。两个肝脏的拟合误差分别为 5.8 和 22.8（公式(4.4)）。



(a)



(b)

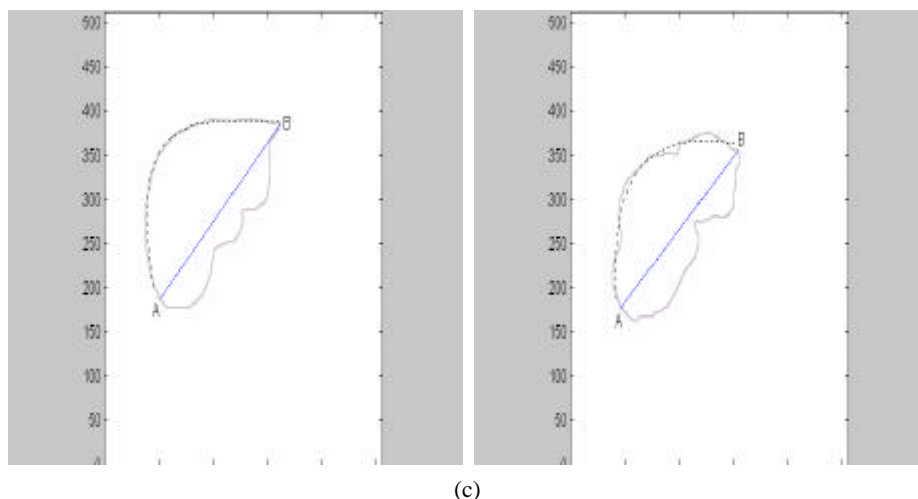


图 4.4 肝脏形状的规则性。(a) 原始图像，左图中肝脏形状规则；右图中肝脏形状不规则，(b) 两幅图像的肝脏区域掩模，(c) 肝脏外侧轮廓的三次多项式拟合。

Fig.4.4 Shape regularity of liver. (a) Original images, the liver at left has a regular shape, while the right one contain an irregular liver, (b) Liver masks of two images, (c) cubic polynomial fitting to outer part of liver contour.

为了验证式(4.4)定义参数  $e$  对于判断肝脏形状规则性的适用性，我们根据医生的诊断报告收集 44 幅肝脏 CT 图像，其中肝脏形状规则和不规则各 22 幅。假设形状规则表示阴性，形状不规则表示阳性。图中给出了当  $e^T$  变动时所得的真阳性率-假阳性率曲线（也称接收者操作特性曲线(Receiver operating characteristic curve, ROC)），曲线比较贴近左上角，显示了参数  $e$  在判断肝脏形状规则性方面是可行的。比如在  $e^T$  取 15 时，形状规则和形状不规则的判定正确率分别 81% 和 86%。

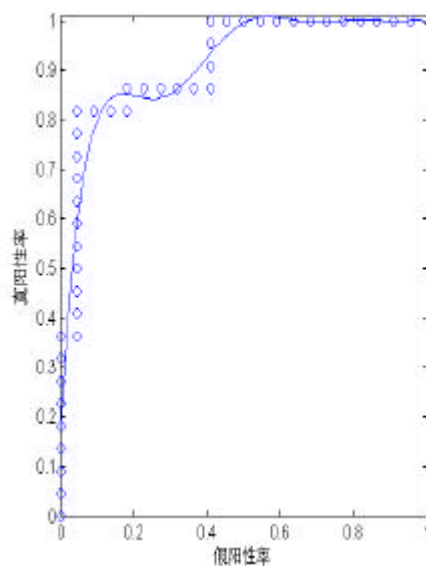


图 4.5 参数  $e$  的 ROC 曲线。

Fig.4.5 ROC curve characterizing parameter  $e$ .

## 4.4 肝脏的边缘规则性

肝脏的形状规则性是指肝脏是否具有近似“半月”的形状，肝脏的边缘规则性是指肝脏的边缘尤其是外侧缘是否光滑。在发生某些病变时肝脏萎缩、增大、硬化，肝脏的边缘失去光滑性而显得比较粗糙。因此肝脏的边缘是否光滑也是腹部 CT 图像的影像报告中经

常描述的一种影像表现。本小节通过对肝脏外侧缘的切角函数进行 Fourier 分析和小波分析来描述肝脏轮廓的光滑性。Fourier 方法可以计算出肝脏轮廓走向的变动情况，小波方法可以进一步统计出肝脏轮廓上不光滑点的个数，两者共同给出肝脏轮廓光滑性的定量描述。

#### 4.4.1 边缘规则性的 Fourier 描述

设肝脏的外轮廓（这里指 Snake 包络的外侧段，如图 4.3a 中的 ACB 弧段所示）表示为二维平面上的一条参数化曲线：

$$s(t) = (x(t), y(t)) \quad (4.5)$$

其中  $0 \leq t \leq 1$ ，在图 4.3a 中， $s(0) = A$ ， $s(1) = B$ 。设曲线是光滑的，一阶导数  $dy/dt$ ， $dx/dt$  存在。则任一点  $t$  处的切线与  $x$  轴的夹角为：

$$\mathbf{q}(t) = tg^{-1} \left[ \frac{dy/dt}{dx/dt} \right] \quad (4.6)$$

它的 Fourier 变换用  $\hat{\mathbf{q}}(\mathbf{w})$  表示：

$$\hat{\mathbf{q}}(\mathbf{w}) = \int_0^1 \mathbf{q}(t) e^{-j\mathbf{w}t} dt \quad (4.7)$$

$\hat{\mathbf{q}}(\mathbf{w})$  也称为曲线  $s(t)$  的 Fourier 描述。当一条封闭曲线的光滑性较差时，它的 Fourier 描述的高频成分能量较大。因此我们通过以下方法来表示封闭曲线的不规则程度：

$$R_F = \frac{\int_{w_f}^{\infty} |\hat{\mathbf{q}}(\mathbf{w})|^2 d\mathbf{w}}{\int_0^{w_f} |\hat{\mathbf{q}}(\mathbf{w})|^2 d\mathbf{w}} \quad (4.8)$$

在离散情况下，闭合曲线由一系列连通的点组成，表示为：

$$s_i = (x_i, y_i), \quad i = 0, 1, \dots, N-1 \quad (4.9)$$

其中  $N$  表示控制点的总数。在任一点  $s_i$  处的切线与  $x$  轴的夹角为：

$$\mathbf{q}_i = tg^{-1} \left[ \frac{y_i - y_{i-1}}{x_i - x_{i-1}} \right] \quad (4.10)$$

$\{\mathbf{q}_i\}$  的离散 Fourier 变换表示为：

$$\hat{\mathbf{q}}_k = \sum_{i=0}^{N-1} \mathbf{q}_i e^{-\frac{j2k\pi}{N} i}, \quad k = 0, 1, \dots, N-1 \quad (4.11)$$

$\{\hat{\mathbf{q}}_k\}$  称为离散曲线  $\{\mathbf{q}_i\}$  的 Fourier 描述子[74]。 $\{\mathbf{q}_i\}$  的不规则程度表示为：

$$R_F = \frac{\sum_{k=T}^M |\hat{\mathbf{q}}_k|^2}{\sum_{k=0}^{T-1} |\hat{\mathbf{q}}_k|^2} \quad (4.12)$$

式中  $M$  是一个小于  $N/2$  的数，在实验中我们取  $N=256$ ， $M=16$ ， $T=8$ 。

## 4.4.2 肝脏轮廓规则性的小波描述

### 1 由平滑函数导出的一维小波变换<sup>[75]</sup>

设  $w(t)$  是一个平滑函数,  $\int_{-\infty}^{\infty} w(t)dt = 1$ , 且  $w(\infty) = w(-\infty) = 0$ 。比如  $w(t)$  是一个高斯函数或样条函数。假设  $w(t)$  是可微的, 它的一阶导数表示为:

$$\mathbf{y}(t) = \frac{dw(t)}{dt} \quad (4.13)$$

那么,  $\mathbf{y}(t)$  是一个小波函数, 它的积分为 0:

$$\int_{-\infty}^{\infty} \mathbf{y}(t)dt = 0$$

对于任意函数  $\mathbf{x}(t)$ , 我们用  $\mathbf{x}_s(t)$ ,  $s > 0$ , 表示它的伸缩变换:

$$\mathbf{x}_s(t) = \frac{1}{s} \mathbf{x}\left(\frac{t}{s}\right)$$

信号  $f(t)$  的小波变换表示为它和小波函数  $\mathbf{y}_s(t)$  的卷积, 记为  $W_s f(t)$ , 称为  $f(t)$  在尺度  $s$  上的小波变换:

$$W_s f(t) = f * \mathbf{y}_s(t) \quad (4.14)$$

根据(4.13)式, 可得:

$$W_s f(t) = f * \left( s \frac{dw_s}{dt} \right)(t) = s \frac{d}{dt} (f * w_s)(t) \quad (4.15)$$

因此  $W_s f(t)$  表示信号  $f(t)$  经  $w_s$  平滑以后的变化情况, 当  $s$  较大时  $W_s f(t)$  对应粗糙的变化, 当  $s$  较小时  $W_s f(t)$  对应细微的变化。

令  $s = 2^j$ ,  $j \in \mathbb{Z}$ ,  $\{W_{2^j} f(t)\}$  称为  $f(t)$  的二进小波变换。二进小波变换的完备性和稳定性讨论请参看[75]。  $\forall j \in \mathbb{Z}$ ,  $\forall t_0$ , 如果  $|W_{2^j} f(t_0)|$  是  $|W_{2^j} f(t)|$  的一个局部极大值, 则称信号  $f(t)$  在  $t_0$  处存在小波极大模  $|W_{2^j} f(t_0)|$ 。某点上存在小波极大模说明信号在这一点存在突变。

### 2 一维信号的奇异性和小波极大模

$f(t)$  表示一个一维信号, 它在某点  $t_0$  处的奇异性可以用 Lipschitz 指数来定量表示[76]。设  $f(t)$  在  $t_0$  附近具有下述特性:

$$|f(t_0 + h) - P_n(t_0 + h)| \leq A|h|^a \quad n < a \leq n+1 \quad (4.16)$$

式中  $h$  是一个充分小量,  $A$  是一个常数。  $P_n(t)$  是过  $f(t_0)$  的  $n$  次多项式。则称满足上述条件的最大的  $a$  为  $f(t)$  在  $t_0$  处的 Lipschitz 指数, 称  $f(t)$  在  $t_0$  处是 Lipschitz  $a$  的。Lipschitz 指数有以下特点:

- (1) 当  $f(t)$  在  $t_0$  的邻域内是  $n$  次可微的, 但  $n$  阶导数不连续, 则  $n < a \leq n+1$ 。
- (2) 当  $f(t)$  在  $t_0$  为 Lipschitz  $a$ , 则  $f'(t)$  在  $t_0$  为 Lipschitz  $a-1$ ,  $\int_{-\infty}^t f(t)dt$  在  $t_0$  为 Lipschitz  $a+1$ 。

图 4.6 显示了某些特殊函数的奇异点。第一个函数是一个斜坡函数，它的在  $t_0$  处的 Lipschitz 指数为 1，在公式(4.16)中通过取  $A$  为斜坡的斜率可以验证这一点。第二个函数是一个阶跃函数，因为它是斜坡函数的导数，通过上面第二条性质可知它的 Lipschitz 指数为 0。第三个函数是一个冲激函数，它的 Lipschitz 指数为 -1，因为它是阶跃函数的导数。

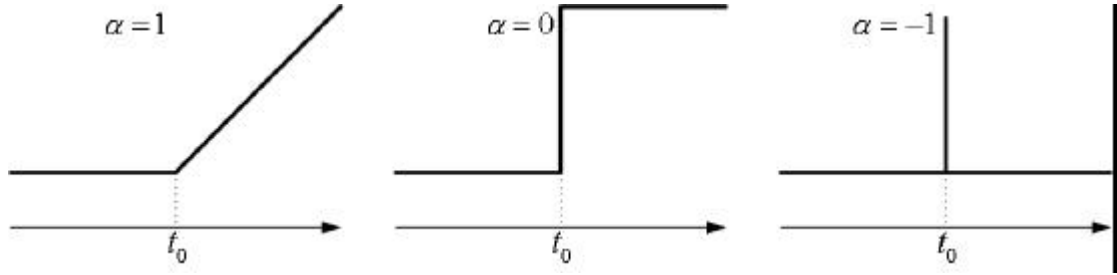


图 4.6 几种特殊函数的奇异点。

Fig.4.6 Singular points on special functions.

通过上述分析，对于连续可微信号， $a > 1$ ；对于奇异信号（如阶跃或冲激信号）， $a \leq 1$ 。通过计算信号在某点的 Lipschitz 指数，可以定量地计算这一点的奇异程度。 $a$  越小，奇异程度越高。

一维信号的奇异点对应小波变换的极大模，并且极大模随着尺度的改变持续存在。从图 4.7 中的一维信号及其在多个尺度上的小波变换可以看到这一点。小波极大模的变化规律和信号的奇异性（即 Lipschitz 指数）之间存在紧密的联系。按照 Meyer 的理论[75]，信号  $f(t)$  在  $t_0$  的邻域  $N_{t_0}$  内是均匀 Lipschitz  $a$  的，当且仅当对  $\forall t \in N_{t_0}$  和  $\forall s > 0$ ， $\exists K > 0$ ，满足：

$$|W_s f(t)| \leq K s^a \quad (4.17)$$

当  $s = 2^j$ ， $j \in Z$  时，有：

$$|W_{2^j} f(t)| \leq K 2^{ja}$$

或者

$$\log_2 |W_{2^j} f(t)| \leq \log_2 K + ja \quad (4.18)$$

由上式，当  $a=0$  时，小波极大模不随尺度参数的改变而改变（图 4.7，位置 2）；当  $a>0$  时，小波极大模随尺度参数的增大而增大（图 4.7，中位置 1 和 4）；当  $a<0$  时，小波极大模随尺度参数的增大而减小（图 4.7，位置 3）。另外，从图 4.7 第 3 和第 4 点可以看出，小波极大模随着尺度的变化存在位移。由公式 4.15，小波变换表示信号  $f(t)$  经平滑以后再求导，而小波极大模对应导数极值点。冲激函数经过平滑处理以后呈钟形，导数极值点位于两侧。当尺度增大时，平滑的程度增大，导数极值点向两侧扩展，从而小波极大模也向两侧扩展，表现出图 4.7 位置 3 和 4 所示的情况。

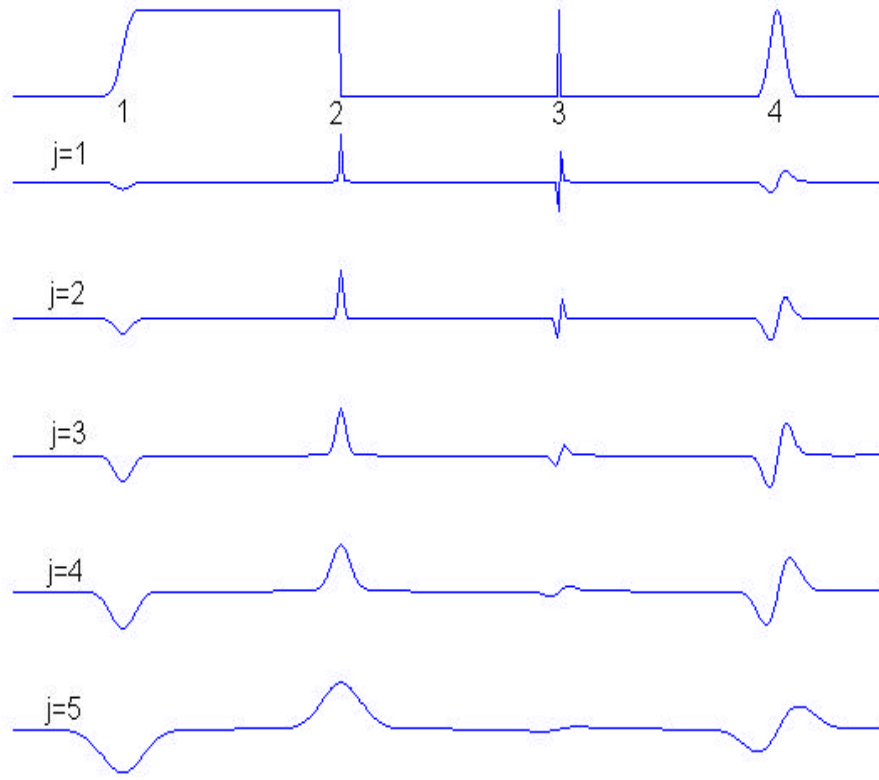


图 4.7 奇异信号的小波极大模。

Fig.4.7 Wavelet maximum modulus for singular signals.

### 3 肝脏轮廓的奇异性度量

极大模的寻找可以通过以下方式进行：首先找到小波变换的所有局部极值，然后针对每一个局部极值，跟踪它在其它尺度上的表现。比如已知  $w_{2^j}f(t_0)$  是尺度  $2^j$  上的一个局部极值，在  $t_0$  的邻域内找到一点  $t_1$ ，满足  $w_{2^{j+1}}f(t_1)$ （或  $w_{2^{j-1}}f(t_1)$ ）是尺度  $2^{j+1}$ （或  $2^{j-1}$ ）上的局部极值，并且  $w_{2^j}f(t_0)$  和  $w_{2^{j+1}}f(t_1)$ （或  $w_{2^{j-1}}f(t_1)$ ）具有相同的符号。那么认为  $w_{2^j}f(t_0)$  和  $w_{2^{j+1}}f(t_1)$ （或  $w_{2^{j-1}}f(t_1)$ ）是来自同一个奇异点的不同尺度上的小波极大模。如果由此得到的极大模序列递增（或递减），则确认它们是来自于同一个奇异点。

假设  $\vec{a}_i = [a_{i1}, a_{i2}, \dots, a_{ij}, \dots, a_{iJ}]^T$  表示信号  $f$  的第  $i$  个奇异点对应的小波极大模序列，其中  $j$  表示尺度参数， $J$  表示最大尺度参数。根据公式(4.18)，得到：

$$\log_2 |a_{ij}| \leq \log_2 K + j \mathbf{a}_i \quad (4.19)$$

式中  $\mathbf{a}_i$  表示第  $i$  个奇异点的 Lipschitz 指数。根据  $\vec{a}_i$  和上式，可以估算出参数  $K$  和  $\mathbf{a}_i$ 。估算过程可以通过最小化

$$\sum_{j=1}^J (\log_2 |a_{ij}| - \log_2 K - j \mathbf{a}_i)^2 \quad (4.20)$$

来实现。

在分析肝脏轮廓的规则性时，首先提取肝脏区域的 Snake 包络。设  $\mathbf{q}(t)$  表示肝脏 Snake 包络外侧缘的切角函数。对  $\mathbf{q}(t)$  做小波变换并提取多尺度上的小波极大模序列。设  $\vec{a}_i$  是其

第 $i$ 个小波极大模序列，最小化式(4.20)估算对应的 Lipschitz 指数 $a_i$ 。肝脏轮廓不规则性的小波描述由下式给出：

$$R_w = \sum_{i=1}^N \exp(-a_i) \quad (4.21)$$

结合式(4.12)，肝脏轮廓不规则性的总体参数由下式给出：

$$R = R_F R_w \quad (4.22)$$

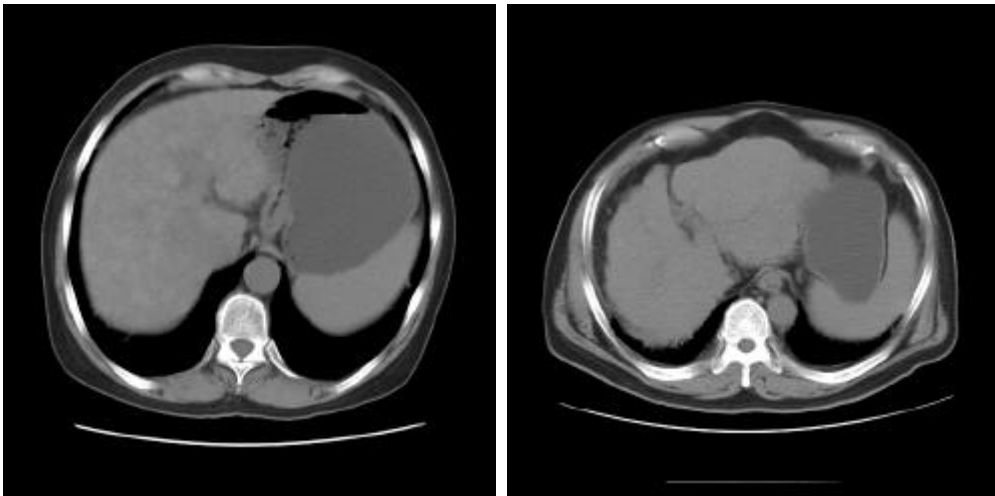
上式表明，轮廓曲线的不规则性由曲线的不光滑程度和奇异点的奇异性决定。奇异点越多，并且奇异点的奇异性越强，则轮廓曲线的不规则性越明显。根据上式，可以通过选取一个阈值 $R^T$ ，然后根据下面的规则判断肝脏的形状规则性：

如果 $R \geq R^T$ ，肝脏边缘不规则；

否则，肝脏边缘规则。

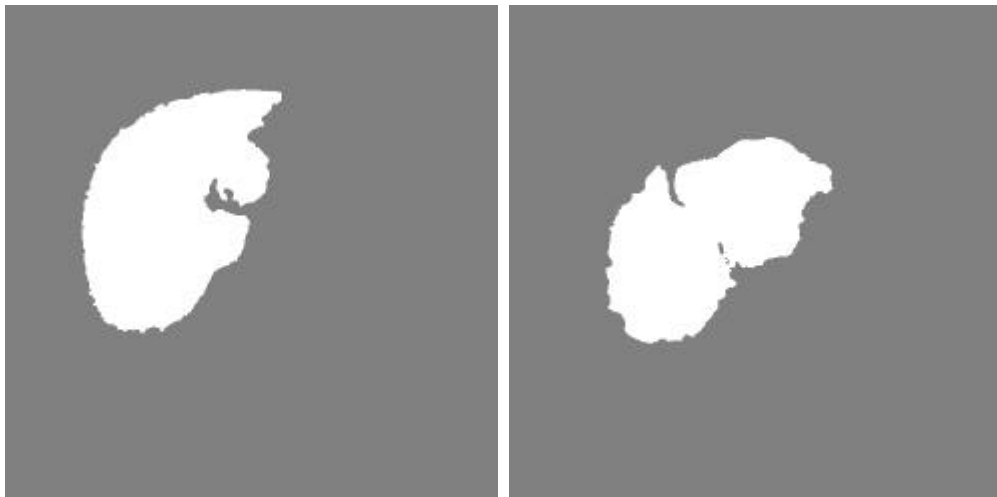
#### 4 实验

图 4.8a 分别给出了两幅肝脏 CT 图像，左边一幅显示了边缘规则的肝脏，另一幅显示了边缘不规则的肝脏。图 4.8b 给出了两幅图像的肝脏区域掩模。图 4.8c 显示了两个肝脏的 Snake 包络和最长轴。由于肝脏内侧缘通常比较复杂，直觉上认为内侧缘轮廓无规律可循。因此我们只对肝脏轮廓的外侧缘（最长轴以上部分）进行分析。图 4.8d 显示了两个轮廓的切角函数及其 Fourier 变换，由图可见规则轮廓的切角函数变幅较小，其 Fourier 变换的中低频成份（主要指 $(0, \pi/4)$ 频段）的能量较小；相反，不规则轮廓的切角函数变幅较大，其 Fourier 变换的中低频成份的能量稍高。在本例中，由式(4.12)计算的规则轮廓的 $R_F$ 参数的值为 0.149，不规则轮廓的值为 0.168。图 4.8e 是两个切角函数的五级小波变换。这里，我们使用的小波函数为一阶高斯小波，即高斯函数的一阶导数（图 4.9）。比较两图可以发现不规则轮廓切角函数的小波变换波动性也较规则轮廓明显。图 4.8f 显示了两个小波变换的极大模，从图中可以更明显地看到不规则轮廓具有更多的不规则点（在图 4.8c 右图中用小圆圈标明）。在图 4.8f 中，小波变换的极大模提取首先经过了阈值过滤，这里阈值取 0.5。本例中，由式(4.21)计算的规则轮廓的 $R_w$ 参数的值为 0.0548，不规则轮廓的值为 0.858。从本例数值上看，参数 $R_w$ 比 $R_F$ 更能表达肝脏的轮廓规则性。

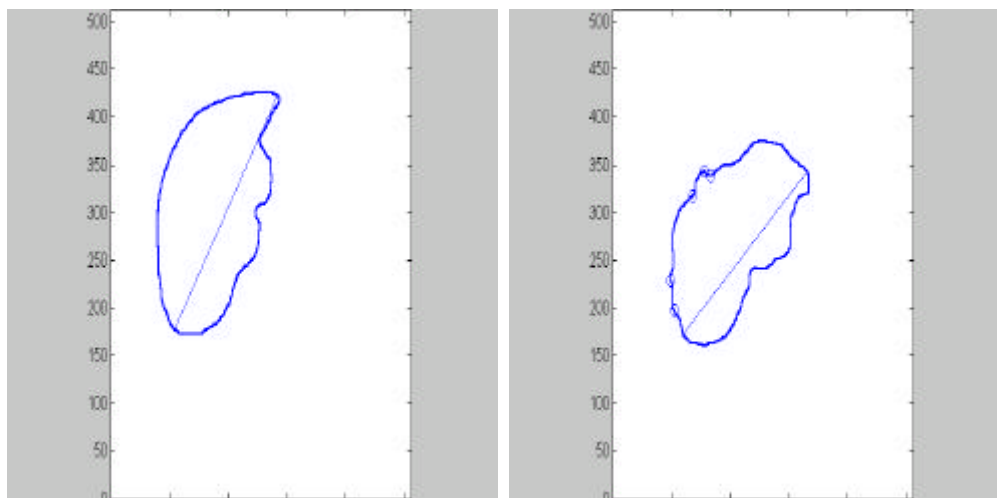


(a)

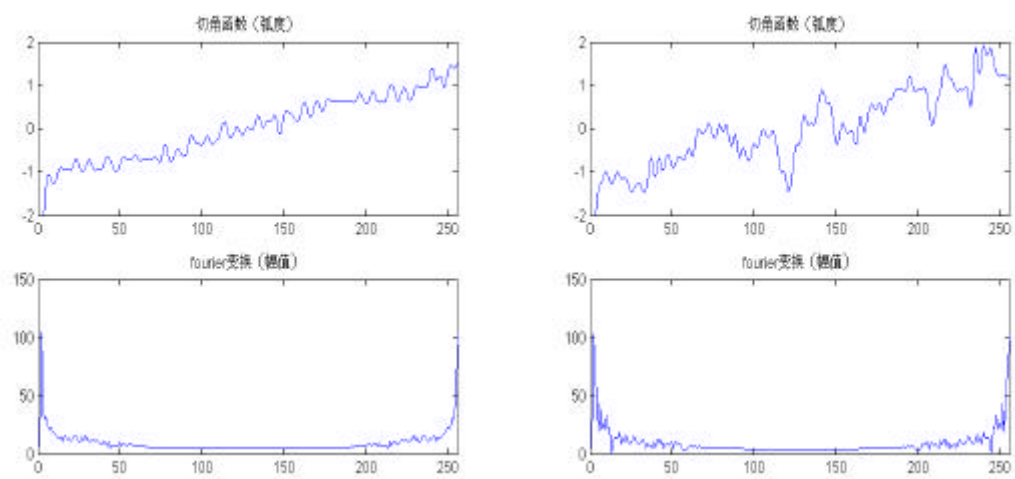




(b)



(c)



(d)

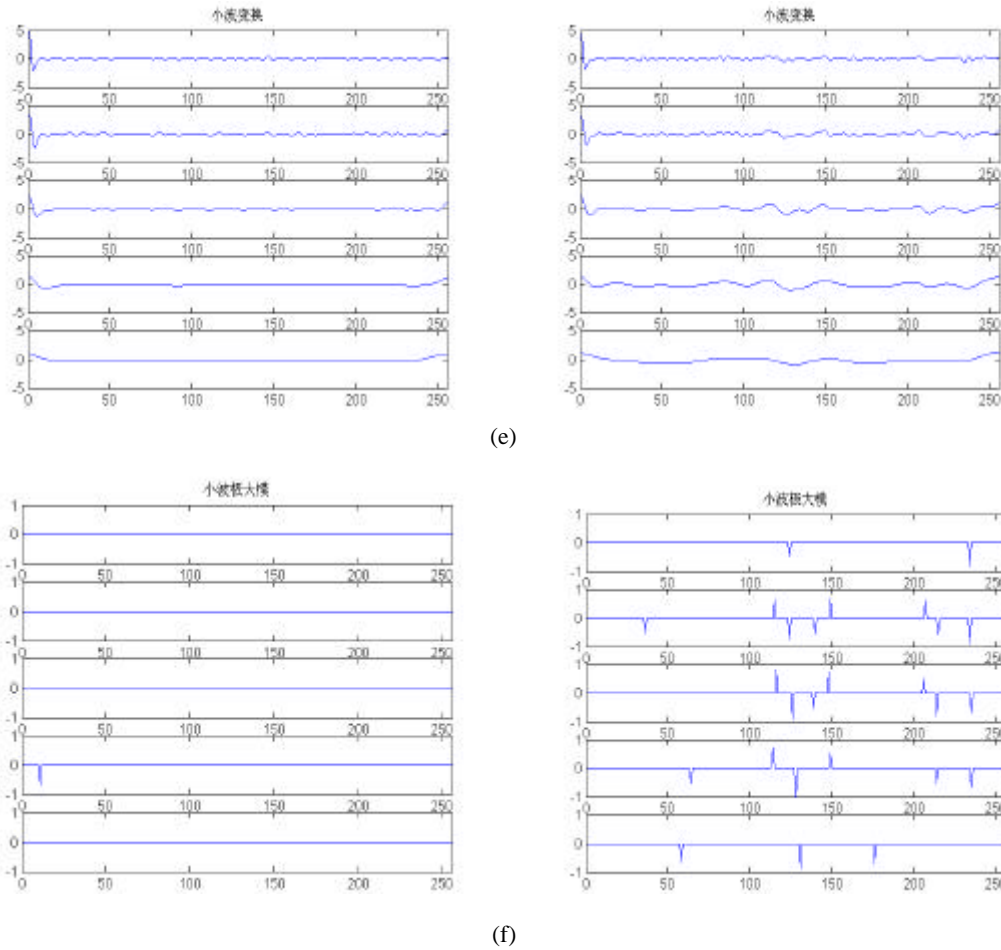


图 4.8 肝脏边缘的规则性。(a) 原始图像，左图中肝脏边缘规则；右图中肝脏边缘不规则，(b) 两幅图像的肝脏区域掩模，(c) 肝脏轮廓和最长轴，(d) 肝脏外侧边缘的切角函数及其 Fourier 变换，(e) 切角函数的五级小波变换，(f) 小波极大模。

Fig.4.8 Contour regularity of liver. (a) Original images, the liver at left has a regular contour, while the right one has an irregular contour, (b) Liver masks of two images, (c) Liver contours and long axes, (d) Slope functions of outer part and their Fourier transform, (e) Wavelet transform of slope functions, (f) Wavelet maximum modulus.

为了验证由公式(4.22)定义的参数 $R$ 对于判断肝脏轮廓规则性的适用性，我们根据医生的诊断报告收集 59 幅肝脏 CT 图像，其中肝脏轮廓规则和形状不规则分别为 30 幅和 29 幅。令形状规则表示阴性，形状不规则表示阳性。图中给出了当 $R^T$ 变动时所得的真阳性率-假阳性率曲线，曲线比较贴近左上角，显示了参数 $R$ 在判断肝脏轮廓规则性方面的可行性。比如在 $R^T$ 取 0.08 时，形状规则和形状不规则的判定正确率分别为 83%和 72%。

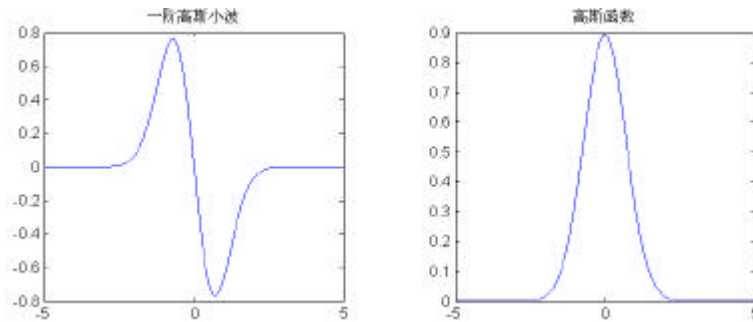
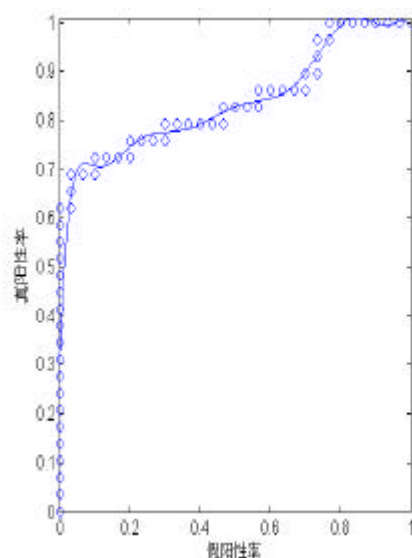


图 4.9 一阶高斯小波。

Fig.4.9 Gaussian wavelet of order 1, it is 1th order derivative of a Gaussian.

图 4.10 参数  $R$  的 ROC 曲线。Fig.4.10 ROC curve characterizing parameter  $R$ .

## 4.5 肝裂的特征

在描述腹部 CT 影像表现时，肝裂是否增宽也是经常用到的特征之一。肝裂是肝内分叶的自然界线，肝脏有 3 个主肝裂：正中裂、左叶间裂和右叶间裂。在二维图像中，叶间裂成像不明显，需要更多的数据（如肝脏的三维体数据）和更精确的分割算法才能识别。肝正中裂是划分肝左叶和右叶的重要标志。肝门区位于肝正中裂，而肝门区有肝管、门静脉、肝动脉以及肝静脉主干的走行，构成复杂的解剖结构，它们在 CT 成像上和肝实质有所不同，经分水岭分割也通常划分为和肝脏不同的区域。因此从二维 CT 图像中自动识别肝正中裂比较可行。本节介绍肝裂的识别和特征提取。

### 4.5.1 肝裂的识别

本章第二节介绍了求取肝脏 Snake 包络的方法。Snake 包络包围的区域正好包含了肝脏区域和肝裂的区域，因此用 Snake 包络包围的区域减去肝脏区域就可以得到肝裂区域（图 4.11）。

令  $A_f$  表示肝裂区域的面积， $A_f^T$  表示一个阈值。根据下面的规则判断肝裂是否增宽：

如果  $A_f \geq A_f^T$ ，肝裂增宽；

否则，肝裂正常。

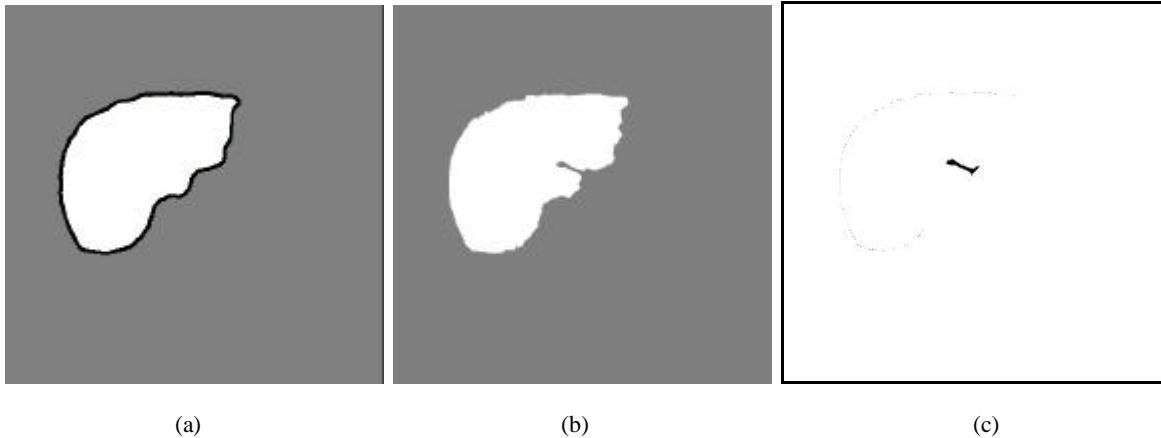


图 4.11 肝裂的自动识别。(a) Snake 包络包围的区域，(b) 肝脏掩模，  
(c) 由图(a)与图(b)做相减操作，可以得到肝裂区域。

Fig.4.11 Automatic identification of hepatic fissure. (a) Area enclosed by snake envelope,  
(b) Liver mask, subtracting (b) from (a) gives (c).

## 4.5.2 肝左叶和肝右叶的自动划分

肝裂是划分肝左叶和肝右叶的重要标志。因此在找出肝裂区域以后，可以大致地划分出左右肝叶。这对定义病灶的位置具有重要的意义。本文提供一种肝左右叶的自动划分方法，分以下几步：

自动搜索肝裂，方法如上一小节所述；

求肝脏的最长轴，方法如 4.3.1 小节所述；

求肝裂最内侧点，即肝裂边缘上离最长轴距离最远的点，这里点到直线的距离计算带符号；

求过最内侧点到最长轴的垂直线，这条垂直线即被认为是划分肝左叶和肝右叶的边界线。

图 4.12 是寻找肝叶分界线的示意图。图中虚线表示 Snake 包络线，灰色填充部分表示肝裂区域，AB 表示肝脏最长轴，D 表示肝裂区域最内侧点，粗实线 DE 为划分肝左叶和肝右叶的分界线。

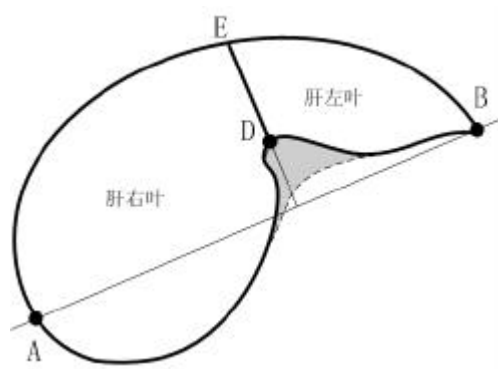


图 4.12 肝左叶和肝右叶的自动划分。

Fig.4.12 Automatic separation of left lobe and right lobe.

图 4.13 是自动求取肝叶分界线的例子，图 4.13a 是原始 CT 图像，图 4.13b 是经图像分割所得的肝脏区域掩模，图 4.13c 是 Snake 包络区域，图 4.13d 是图 4.13b 和 4.13c 相减所得的肝裂区域（通过形态学腐蚀可以滤除边缘部分），图 4.13e 中的粗实线表示经自动搜索方法得到的肝叶分界线。图 4.13f 对自动方法得到的肝叶分界线和手工方式划出的肝叶分界线进行了比较，其中虚线表示手式方法勾画出的分界线。

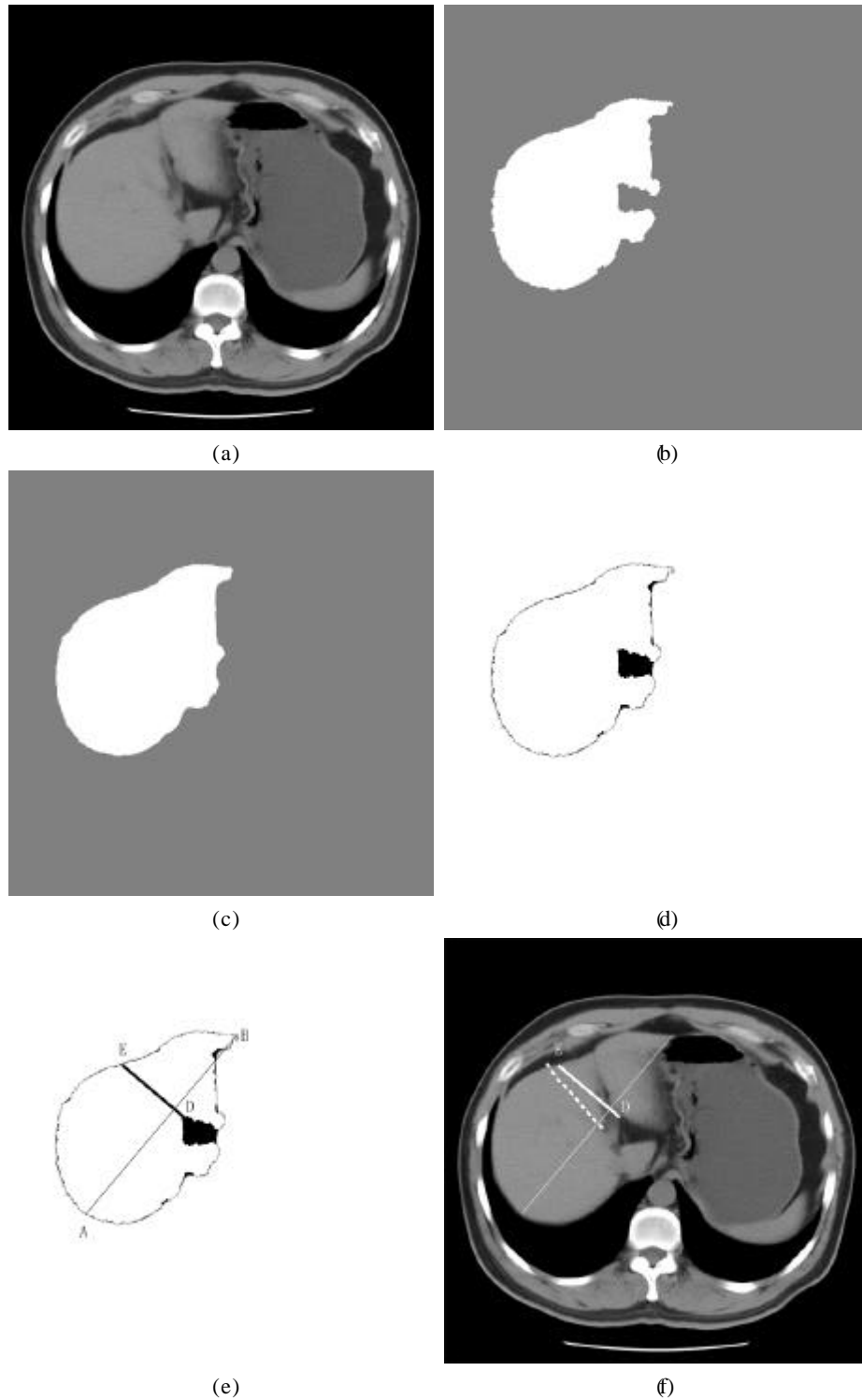


图 4.13 (a) 原始图像，(b) 肝脏掩模，(c) Snake 包络包围的区域，(d) 通过(b)(c)两图相减自动提取肝裂，(e) 肝左叶和肝右叶的自动划分，AB 是最长轴，DE 是肝左右叶分隔线，(f) 自动划分和手工划分的比较，虚线为手工提取的分隔线。

Fig.4.13 (a) Original image, (b) Liver mask, (c) Area enclosed by snake envelope, (d) Identification of hepatic fissure by subtracting (b) from (c), (e) Automatic separation of left lobe and right lobe, AB is the long axis, DE is separation line between left lobe and right lobe, (f) Comparison of computer generated separation line and the one delineated manually, the dashed line is the delineated separation line.

## 4.6 基于肝脏形状特征的腹部CT图像检索

在前面几节中，我们分别介绍了肝脏大小、形状规则性、边缘规则性、肝裂大小的定量分析方法和肝脏左右叶的自动划分方法。这些形状特征以及病灶的位置是影像学医师在通过文字描述一幅肝脏CT图像的影像表现时需要涉及的重要内容。在图像存储时，HCBIR系统通过图像处理模块对每幅肝脏CT图像自动判断以上特征，并将以上判断结果和CT号一起存入数据库。HCBIR系统使用如表2所示的数据库表格，用于存放形状特征向量。

表 4.2 肝脏形状特征数据表。

Table 4.2 Table for liver shape attributes.

字段	说明
CT 号	字符字段，主键
大小	指肝脏大小，三值字段：正常、缩小、增大
形状	指肝脏形状是否规则，二值字段：规则、不规则
边缘	指肝脏边缘是否规则，二值字段：规则、不规则
肝裂	指肝裂是否增宽，二值字段：增宽、正常
病灶位置	指病灶所在的肝段，二值字段：左叶、右叶

在图像检索时，用户通过特征输入界面提交所希望查询的特征。系统将满足条件的肝脏CT图像返回到用户界面。特征检索的过程和常规的关系数据库类似，而检索结果的准确率由以上各特征判别结果的准确率决定，这在前面几节中进行了详细讨论，因此本节不做赘述。图4.14显示了基于肝脏形状特征检索用户界面示意图。用户可以通过鼠标点击编辑输入特征，系统根据用户输入的特征查找满足条件的CT图像，通过鼠标点击图像标签可以显示大图以及相关的影像报告。

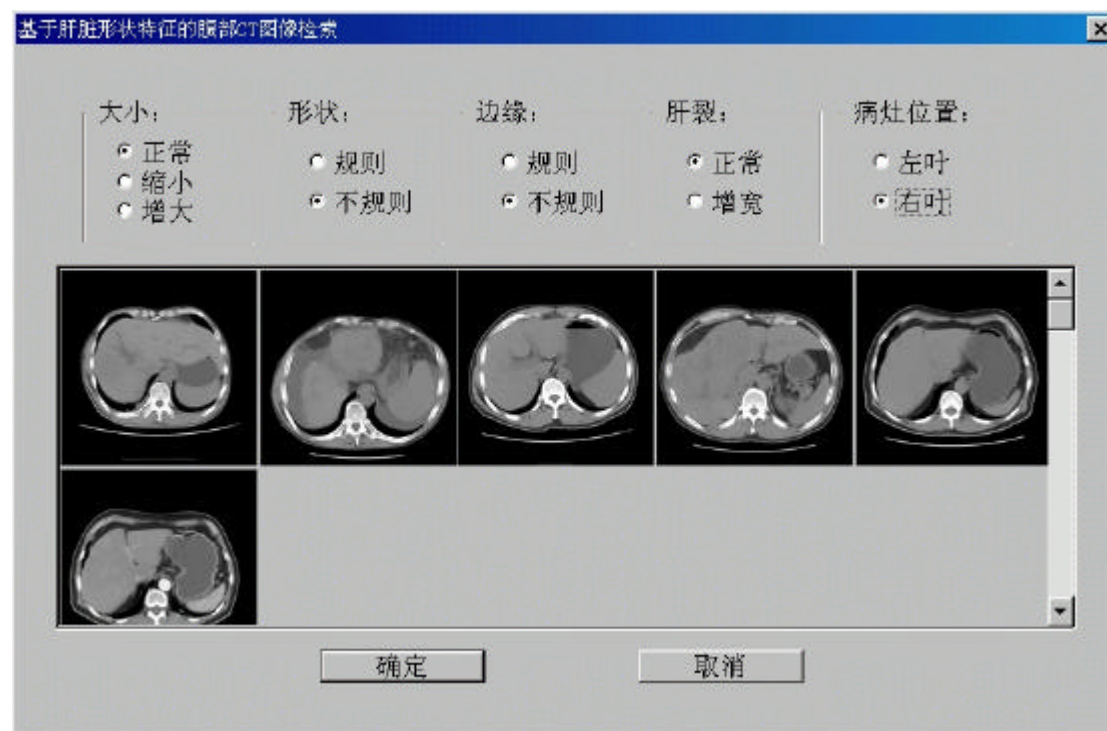


图 4.14 基于肝脏形状特征检索的用户界面示意。

Fig.4.14 An interface for shape feature based hepatic CT image retrieval.

## 4.7 本章小结

本章对肝脏大小、形状、边缘、肝裂等特征的提取和分析做了详细的介绍。肝脏大小的分析主要通过比较肝脏的面积和腹部横段面的面积来实现。肝脏形状特征的提取是通过计算肝脏外侧缘的三次多项式拟合误差来实现，规则的肝脏形状通常拟合误差较小，而不规则的形状则相反。对于肝脏边缘规则性的分析，本文根据轮廓切角函数的 Fourier 变换来分析轮廓曲线的变动性以确定轮廓的规则性；另外还根据切角函数的小波变换的极大模来寻找轮廓上的奇异点，并对它们的不规则性进行了定量计算，肝脏边缘的不规则性由这些奇异点共同决定。肝裂的特征是指肝裂是否增宽，本文给出了一种肝裂的自动识别方案，并在此基础上提出了一种肝脏左右两叶的自动划分方法。通过以上四种特征的提取，可以生成一个描述肝脏形状特征的记录，这条记录同原始图像一起存入数据库。在图像检索时，用户通过图形界面用鼠标选取想要查询的特征，HCBIR 系统将匹配的 CT 图像提交到用户界面。

## 第5章 基于病灶区域 Gabor 纹理特征的腹部 CT 图像检索

医学图像的内容即医学图像所能够提供给影像学医生的生理、病理和解剖学信息的影像表现，这些信息是医学图像的灰度分布经医生的视觉系统接收以后在大脑中的反应。因此，给出一幅医学图像，探究医生“所见为何”是一个颇具吸引力的课题。这个过程即是医学图像的视觉特征的提取过程。在CBIR领域，可以把视觉特征看作医学图像的内容。Gabor滤波器是视觉特征提取的强有力工具，本章使用Gabor滤波器从医学图像中提取病灶区域的视觉特征作为描述图像内容的依据。在图像检索时，通过计算Gabor视觉特征的接近程度来计算两幅图像的内容匹配程度。在实验中，以查全率和查准率为标准，对基于病灶区域Gabor特征的检索方案进行了评估并将其与基于共生纹理的检索进行了比较，结果表明基于Gabor特征的检索具有较高的查全率和查准率。

### 5.1 Gabor 函数

视觉生理心理学研究表明，人类的简单视觉神经元的响应特性和 Gabor 滤波器的响应特性非常接近[77-80]。在图像处理和计算机视觉领域，Gabor 变换常被用作纹理分析[81-83]和视觉特征提取的工具[84]。Gabor 函数是经高斯函数调制的复指数函数[85-87]：

$$g(x, y) = ab \cdot \exp(-\mathbf{p}(a^2 x_q^2 + b^2 y_q^2)) \cdot \exp(j2\mathbf{p}(u_0 x + v_0 y)) \quad (5.1)$$

它的 Fourier 变换为：

$$\hat{g}(u, v) = \exp \left( -\mathbf{p} \left( \left( \frac{(u - u_0)_q}{a} \right)^2 + \left( \frac{(v - v_0)_q}{b} \right)^2 \right) \right) \quad (5.2)$$

式中  $x_q = x \cos \mathbf{q} + y \sin \mathbf{q}$ ， $y_q = -x \sin \mathbf{q} + y \cos \mathbf{q}$ ， $u_q$ 、 $v_q$  意义相同。Gabor 函数具有以下特性：

Gabor 函数是一个空频窗。(5.1)式表明它是一个空间窗，由两部分组成。前半部分是高斯函数。尺度参数  $a$ 、 $b$  决定了高斯空间窗的大小，参数  $\mathbf{q}$  决定了高斯函数的旋转角度。图 5.1a 显示了一个高斯窗函数 ( $a=0.03$ 、 $b=0.07$ 、 $\mathbf{q}=\mathbf{p}/6$ )。(5.1)式后半部分是复三角函数， $u_0$ 、 $v_0$  分别决定了  $x$  方向上的波动频率和  $y$  方面上的波动频率。图 5.1b 显示了一个复三角函数的实部 ( $u_0=v_0=0.04$ )。图 5.1c 显示了一个 Gabor 函数 (实部)。Gabor 函数同时是一个频率窗函数。(5.2)式说明这个频率窗的中心在  $(u_0, v_0)$ ，并且  $(u_0, v_0)$  不受其它参数的影响。参数  $a$ 、 $b$  决定了频率窗的大小，参数  $\mathbf{q}$  决定了频率窗的旋转角度。图 5.1d 显示了 5.1c 中所示 Gabor 函数的 Fourier 变换的幅值。

Gabor 函数作为滤波器时，具有一定的频带范围。通常是以频率响应函数的幅值下降到最大值的 1/2 为界。根据(5.2)式：

$$\frac{1}{2} = \exp \left( -\mathbf{p} \left( \left( \frac{(u - u_0)_q}{a} \right)^2 + \left( \frac{(v - v_0)_q}{b} \right)^2 \right) \right)$$

整理上式，Gabor 滤波器的频带范围可用下面的椭圆表示：



$$\left(\frac{(u-u_0)_q}{aC}\right)^2 + \left(\frac{(v-v_0)_q}{bC}\right)^2 = 1 \quad (5.3)$$

式中  $C = \sqrt{\ln 2/p} = 0.4697 \approx 0.5$ 。因此由公式(5.1)确定的 Gabor 滤波器的频带范围包含在轴长  $2aC \approx a$  和  $2bC \approx b$ 、旋转角度为  $q$  的椭圆范围内 (图 5.2)。

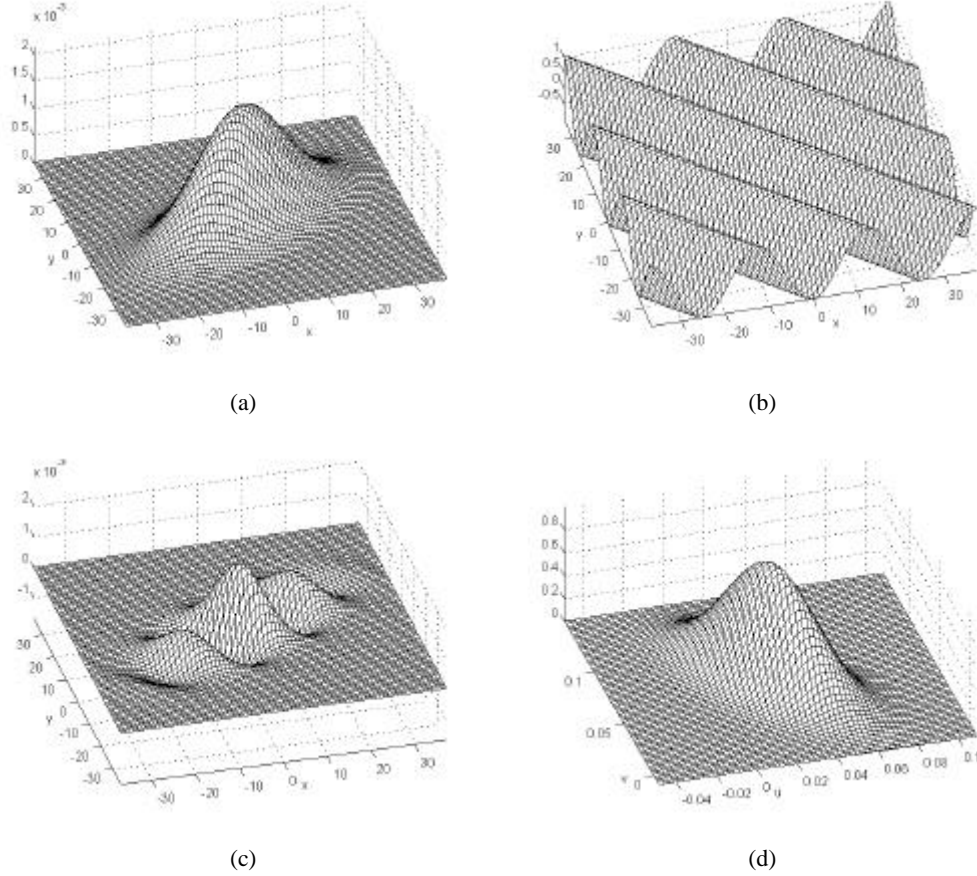


图 5.1 Gabor 函数。(a) 高斯函数，(b) 余弦函数，(c) Gabor 函数的实部，  
(d) 图(c)中 Gabor 函数 Fourier 变换的幅值

Fig.5.1 A Gabor function. (a) Gaussian function, (b) Cosine function, (c) Real part of the Gabor function,  
(d) The Fourier transform of the Gabor function shown in (c).

为了便于分析，Gabor 函数的中心频率  $(u_0, v_0)$  也常用极坐标  $(F_0, w_0)$  表示：

$$F_0 = \sqrt{u_0^2 + v_0^2} ; \quad w_0 = \arctan \left( \frac{v_0}{u_0} \right) \quad (5.4)$$

这时(5.1)式变为：

$$g(x, y) = ab \cdot \exp(-p(a^2 x_q^2 + b^2 y_q^2)) \cdot \exp(j2pF_0(\cos w_0 x + \sin w_0 y)) \quad (5.5)$$

如果以极坐标的形式来计算频带范围，则沿极轴方向的频带宽度为(图 5.2)：

$$\Delta F_{1/2} = F_{\max} - F_{\min} = 2aC \quad (5.6)$$

当  $w_0 = q$  时，以倍频程 (octaves) 表示的极轴带宽为：

$$\Delta F_{1/2} = \log_2 \left( \frac{F_{\max}}{F_{\min}} \right) = \log_2 \frac{F_0 + aC}{F_0 - aC} \quad (5.7)$$

同时，易知极角带宽为：

$$\Delta w_{1/2} = w_{\max} - w_{\min} \approx 2 \operatorname{atan} \left( \frac{bC}{F_0} \right) \quad (5.8)$$

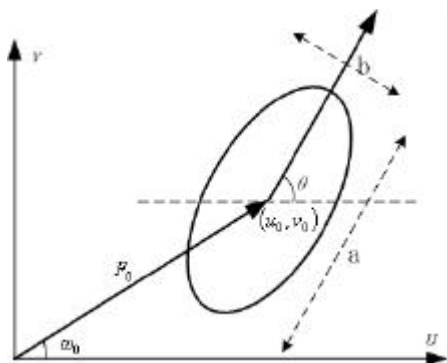


图 5.2 Gabor 函数的频带宽度。

Fig.5.2 Half-magnitude profile of Gabor function in Fourier domain.

## 5.2 Gabor 滤波器的设计<sup>[96]</sup>

实际的二维信号如数字图像都有一定的频率范围，因此可以设计一组 Gabor 滤波器，使每个滤波器在频域中覆盖一定的频率范围，而所有的滤波器的频带范围恰好能够覆盖整个频率域。一种简单的方法是固定尺度参数  $a$ 、 $b$ ，然后通过二维网格点上分布  $(u_0, v_0)$  来实现对频率域的覆盖，如图 5.3a 所示。这种方法的不足在于尺度参数不可调，也不符合人眼的视觉特性。人眼的视觉系统具有多尺度的特征<sup>[88,89]</sup>，每个简单视觉神经元的响应特性具有一定的频率带宽和方向带宽，并且频率带宽具有倍数关系，方向带宽呈固定角度，满足  $w_0 = q$ 。在图 5.3b 中，每个椭圆表示相应 Gabor 滤波器的频带范围，它们具有相同的方向带宽  $\Delta w_{1/2} = p/6$ ，径向相邻的滤波器频率带宽呈两倍关系， $\Delta F_{i+1} / \Delta F_i = 2$ 。

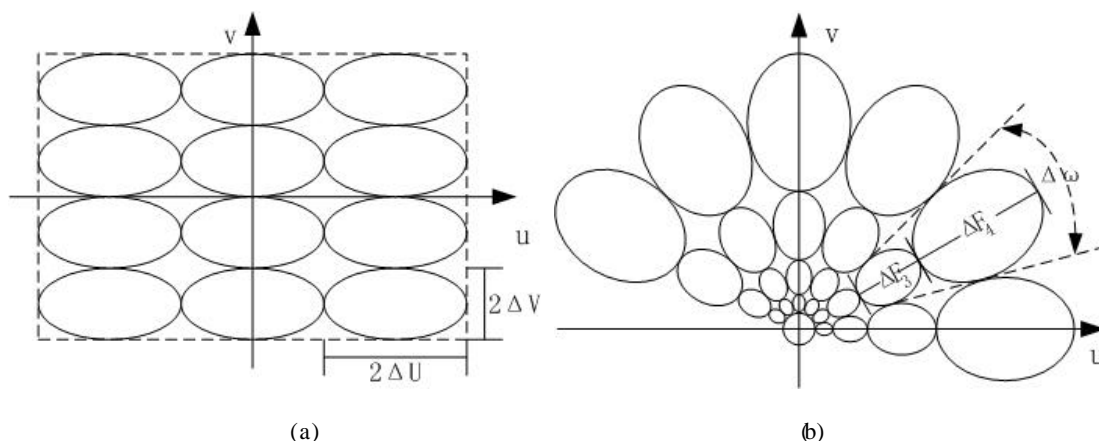


图 5.3 Gabor 滤波器组的设计。(a) 横向和纵向频带宽度都固定的频域剖分方案，  
(b) 极轴方向的频带宽度按固定比例伸展，极角方向频宽宽度固定。

Fig.5.3 Ensemble of Gabor filters. (a) Fixed bandwidth along horizontal and vertical direction,  
(b) Constructing filters by stretching and rotation.

我们通过以下方法来确定 Gabor 滤波器组中各滤波器的参数：

- (1) 首先确定待处理二维信号的频率范围。对于数字图像，采样频率可以表示为 1 (次

/像素)。按照采样定理, 数字图像的最大频率为  $F_{\max}=0.5$  (周期/像素)。

(2) 选定 Gabor 滤波器的个数。这里我们以极坐标的形式来表示频域, 设在极轴方向有  $N$  个频带, 在极角方向有  $M$  个频带。在图 5.3b 中,  $N=4$ ,  $M=6$ 。  $M$  确定以后, 可以很容易地确定 Gabor 滤波器的角度带宽  $\Delta\mathbf{w}_{1/2} = \mathbf{p}/M$ 。

(3) 选定最大中心频率  $F_N \leq F_{\max}$ , 选定倍频程带宽  $\Delta F_{1/2}$  (公式(5.7))。

(4) 计算滤波器参数。设  $a_i$ 、 $b_i$  表示极轴方向上第  $i$  ( $1 \leq i \leq N$ ) 个频带的尺度参数、 $F_i$  是第  $i$  个频带的中心频率,  $\mathbf{q}_j$  ( $1 \leq j \leq M$ ) 是极角方向上第  $j$  个滤波器的旋转角度。由公式(5.7), 可知:

$$a_i = F_i \frac{K_a}{C} \quad (5.9)$$

式中

$$K_a = \frac{2^{\Delta F_{1/2}} - 1}{2^{\Delta F_{1/2}} + 1} \quad (5.10)$$

令  $F_{\max}^i$ 、 $F_{\min}^i$  分别表示第  $i$  个频带的最大频率和最小频率, 则有:

$$F_{\min}^{i+1} = F_{\max}^i \quad (5.11)$$

根据(5.9)式

$$F_{\max}^i = F_i + a_i C = F_i + F_i K_a, \quad F_{\min}^{i+1} = F_{i+1} - a_{i+1} C = F_{i+1} - F_{i+1} K_a \quad (5.12)$$

因此, 结合上述两式

$$F_i = F_{i+1} \frac{1 - K_a}{1 + K_a} \quad (5.13)$$

由公式(5.8), 可得

$$b_i = F_i \frac{K_b}{C} \quad (5.14)$$

式中

$$K_b = \tan\left(\frac{1}{2} \Delta\mathbf{w}_{1/2}\right) \quad (5.15)$$

根据(5.13)式, 可以由  $F_N$  求得  $F_i$ ,  $1 \leq i \leq N-1$ 。再由公式(5.9)可得  $a_i$ , 由公式(5.14)可得  $b_i$ 。

另外, 易知参数  $\mathbf{q}_j = (j-1)\mathbf{p}/M$ 。

(5) 设定滤波器。由以上几步计算出的  $a_i$ 、 $b_i$ 、 $F_i$ 、 $\mathbf{q}_j$ , 计算滤波器组如下:

$$g_{ij}(x, y) = a_i b_i \exp\left(-\mathbf{p}(a_i^2 x_{\mathbf{q}_j}^2 + b_i^2 y_{\mathbf{q}_j}^2)\right) \cdot \exp\left(i 2\mathbf{p} F_i (x \cos \mathbf{q}_j + y \sin \mathbf{q}_j)\right) \quad (5.16)$$

其中  $1 \leq i \leq N$ ,  $1 \leq j \leq M$ 。

## 5.3 基于 Gabor 纹理特征的肝脏 CT 图像检索

在图像纹理分析时, 需要利用这组 Gabor 滤波器对图像进行卷积运算, 但卷积运算的计算量太大, 不适合图像检索的应用领域。考虑到(5.16)式中的 Gabor 滤波器的时间窗宽度为  $\Delta X_i = 1/(a_i \sqrt{\mathbf{p}})$ ,  $\Delta Y_i = 1/(b_i \sqrt{\mathbf{p}})$ , 本文利用 Gabor 滤波器  $g_{ij}$  对肝脏病灶区域进行步长为

( $\Delta X_i, \Delta Y_i$ ) 的采样, Gabor 参数用下式计算:

$$G_{ijmn} = \sum_s \sum_t I(m\Delta X_i - s, n\Delta Y_i - t) g_{ij}^*(s, t) \quad (5.17)$$

式中( $m, n$ )表示采样栅格的位置(图 5.4),  $g_{ij}^*$  是  $g_{ij}$  的复共轭。

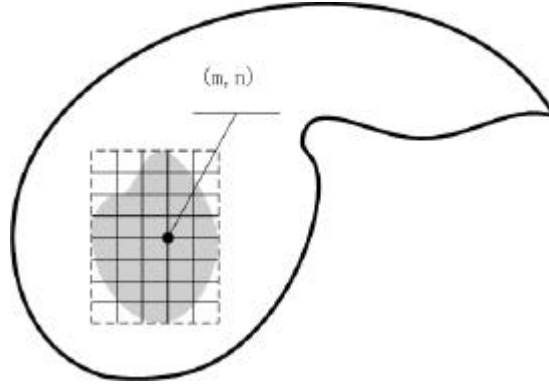


图 5.4 Gabor 滤波器采样栅格。

Fig.5.4 Gabor sampling grid.

令  $\bar{m}_{ij}$  和  $\bar{s}_{ij}$  分别表示  $G_{ijmn}$  的均值和方差, 即:

$$\bar{m}_{ij} = \frac{1}{C} \sum_{(m,n) \in L} |G_{ijmn}| \quad (5.18a)$$

$$\bar{s}_{ij} = \sqrt{\frac{1}{C} \sum_{(m,n) \in L} (|G_{ijmn}| - \bar{m}_{ij})^2} \quad (5.18b)$$

式中  $C$  表示  $g_{ij}$  对病灶区域采样的次数,  $L$  表示病灶区域(如图 5.4 中灰色区域所示)。

实验表明, 对于肝脏病灶的 CT 影像表现, 方向信息在区分影像表现时不敏感。因此定义如下两个参数:

$$\bar{m}_i = \frac{1}{M} \sum_{j=1}^{M-1} \bar{m}_{ij} \quad (5.19a)$$

$$\bar{s}_i = \sqrt{\frac{1}{MC} \sum_j \sum_{(m,n) \in L} (|G_{ijmn}| - \bar{m}_i)^2} \quad (5.19b)$$

根据以上定义, 病灶区域的 Gabor 纹理特征由下式给出:

$$f_g = [u_{10}, \bar{m}_1, \Lambda, \bar{m}_{M-1}; u_{20}, \bar{m}_1, \Lambda, \bar{m}_{M-1}; \bar{m}_3, \bar{s}_3; \dots; \bar{m}_N, \bar{s}_N] \quad (5.20)$$

在上式中, 当  $i$  比较小时(在本文中即  $i=1,2$ ), Gabor 小波  $g_{ij}$  尺度较大, (5.17)式从图像中提取出缓慢变化的纹理信息, 这时 Gabor 窗口在图像平面上移动的步长相应地也较大, 采样次数(即  $C$ )较少, 因此我们只采用 Gabor 参数在各个方向上的均值信息(式(5.18a))。当  $i$  比较大时(即  $i=3,4$ ), Gabor 小波  $g_{ij}$  尺度较小, (5.17)式从图像中提出细小纹理信息, 这种情况下我们采用 Gabor 参数的均值和方差信息(式(5.19))。

在(5.20)式中为了消除方向的影响, 对同一尺度下的 Gabor 参数进行从小到大(或从大到少)排序。这时的 Gabor 纹理特征表示为:

$$f'_g = [u'_{10}, \mathbf{m}'_1, \Lambda, \mathbf{m}'_{M-1}; u'_{20}, \mathbf{m}'_{21}, \Lambda, \mathbf{m}'_{2M-1}; \mathbf{m}_3, \mathbf{s}_3; \dots; \mathbf{m}_N, \mathbf{s}_N] \quad (5.21)$$

其中  $\{u'_{10}, \mathbf{m}'_1, \Lambda, \mathbf{m}'_{M-1}\}$  是对  $\{u_{10}, \mathbf{m}_1, \Lambda, \mathbf{m}_{M-1}\}$  的排序。

我们根据两幅图像之间特征向量的接近程度来判断两幅图像的内容相似性。在图像存储时，HCBIR 系统通过肝脏区域分割、病灶区域识别，然后利用 Gabor 滤波器通过(5.21)式计算病灶区域的视觉特征，最后将原始图像和相关的特征向量一起存入数据库；在图像检索时，根据用户提供的样图，HCBIR 系统依靠同样的步骤计算 Gabor 特征向量，然后从 Gabor 特征向量集中查找最接近的一组特征向量，并将相应的 CT 图像返回到用户界面。

## 5.4 实验与讨论

为了进行比较，首先引入基于共生纹理特征的检索方案。设  $F$  是由病灶区域导出的归一化的灰度共生矩阵， $N$  表示图像的灰度级数。我们使用以下几个纹理参数：

$$\text{熵: } H = - \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N F_{ij} \ln F_{ij} \quad (5.22a)$$

$$\text{能量: } P = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N F_{ij}^2 \quad (5.22b)$$

$$\text{均匀度: } O = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N F_{ij} / (1 + |i - j|) \quad (5.22c)$$

$$\text{二阶差分矩: } M_2 = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N |i - j|^2 F_{ij} \quad (5.22d)$$

$$\text{三阶差分矩: } M_3 = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N |i - j|^3 F_{ij} \quad (5.22e)$$

$$\text{逆差分矩: } I = \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N F_{ij} / (1 + (i - j)^2) \quad (5.22f)$$

另外再加上病灶区域的方差  $\mathbf{s}$  和均值  $\mathbf{m}$ ，构成病灶区域的共生纹理特征向量：

$$f_c = [\mathbf{m}, \mathbf{s}, H, P, O, M_2, M_3, I] \quad (5.23)$$

在图像检索时，根据(5.23)式作为两幅图像之间内容匹配的依据。

我们在医生的指导下从合作医院收集了 100 幅肝脏 CT 图像作为实验数据，包括五种影像表现：浸润型低密度肝癌（infiltratively and irregularly low attenuation, ILA）、均匀低密度肝癌（homogeneously low attenuation, HLA）、多发结节型肝癌（multi-focal nodular type, MFN）、含碘油沉积的肝脏（lipiodol retention, LR）、以及模拟的肝囊肿（computer simulated liver cyst, SLC）CT 图像各 20 幅。每种影像表现的图像片段如图 5.5 所示。对于每幅图像，按照图 1.2 所示的流程对其进行分水岭分割提取肝脏区域并识别病灶位置，然后提取病灶区域的 Gabor 纹理向量和共生纹理特征向量。

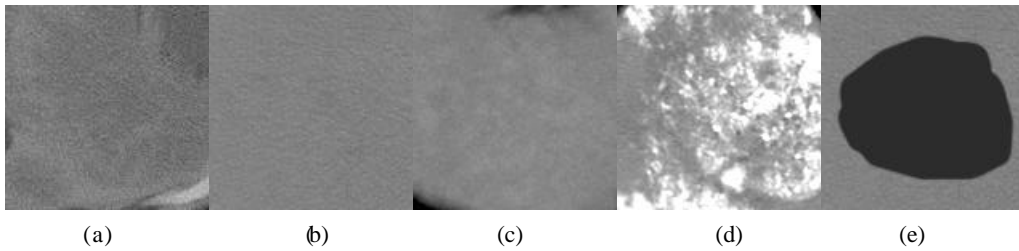


图 5.5 五种影像表现。(a) 浸润型低密度肝癌，(b) 均匀低密度肝癌，(c) 多发结节型肝癌，(d) 含碘油沉积的肝脏，(e) 计算机模拟的肝囊肿。

Fig.5.5 Different types of CT manifestations. (a) Infiltratively and irregularly low attenuation, (b) Homogeneously low attenuation, (c) Multi-focal nodular, (d) Lipiodol retention, (e) computer simulated liver cyst.

对于数字图像，采样频率可以表示为 1 (次/像素)。按照采样定理，它的最大频率为 0.5 (周期/像素)。在实验中，我们取 Gabor 函数的最大中心频率  $F_N=0.2$  (周期/像素)， $N=4$ ，由公式(5.7)决定的倍频程带宽  $\Delta F_{1/2}$  取为 1。这样根据公式(5.10)和(5.13)可知  $F_{i+1}/F_i=2$ ，由此可知尺度最大的 Gabor 函数的中心频率  $F_1=0.025$  (周期/像素)。这一频率对应的周期为 40 个像素，这样以  $(0.814\text{mm} \times 0.814\text{mm})$  的像素尺寸计，尺度最大的 Gabor 函数对于提取直径在 10 厘米以内的病灶的纹理信息是适合的。另外，取  $M=4$ ，即 Gabor 函数包含四个方向。视觉心理学的研究表明人眼视觉系统中同样存在这样的  $4 \times 4$  Gabor 函数组合[90]。图 5.6 显示了由以上参数所得的 Gabor 滤波器的实部。

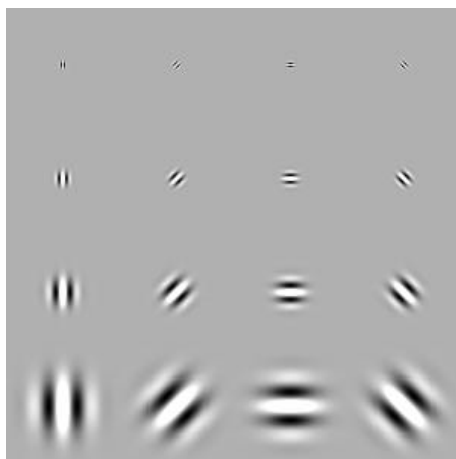


图 5.6  $4 \times 4$  Gabor 滤波器组的实部。

Fig.5.6 Real part of the  $4 \times 4$  Gabor filters.

在实验中，我们把每一幅图像作为样图，然后把它的特征向量经归一化处理后与其它所有图像的特征向量通过欧几里德距离进行比较，并按照欧几里德距离从小到大的顺序从最相似到不相似排列比较结果，从中提取最接近的前  $K$  幅图像。评判检索效果常用的指标是查全率 (Recall) 和查准率 (Precision)：

$$\text{查全率} = \frac{\text{查找到的同类图像数目}}{\text{所有同类图像的数目}}$$

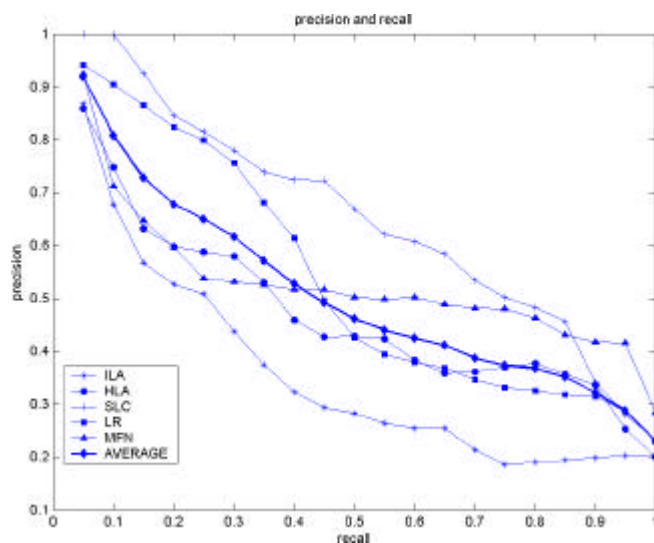
$$\text{查准率} = \frac{\text{查找到的同类图像数目}}{\text{查找到的图像的数目}}$$

通常查全率的提升导致查准率的降低，反之亦然。检索效果的优劣可以根据查准率-查全率曲线下的面积来评判。图 5.7 中细实线所示为每种图像的查准率-查全率曲线，粗实线为五种图像的平均查准率-查全率曲线，从图中可以看出肝囊肿的检索效果最好。表 5.1 是每种图像分别以 Gabor 纹理和共生纹理为特征向量的查准率-查全率曲线下的面积比较，“方差”一栏代表面积随样本变动的情况。表 5.2 为从图像集中检索出 5 幅内容最接近图像时每种图像对应的查准率。图 5.7、表 1 和表 2 显示出基于 Gabor 纹理特征的检索效果优于基于共生纹理的检索效果，但是从图 5.7a 和表 5.2 可以看出在利用共生纹理为特征向量，每次检索出 5 幅内容最匹配图像时，平均查准率也仍然可以达到 65%。

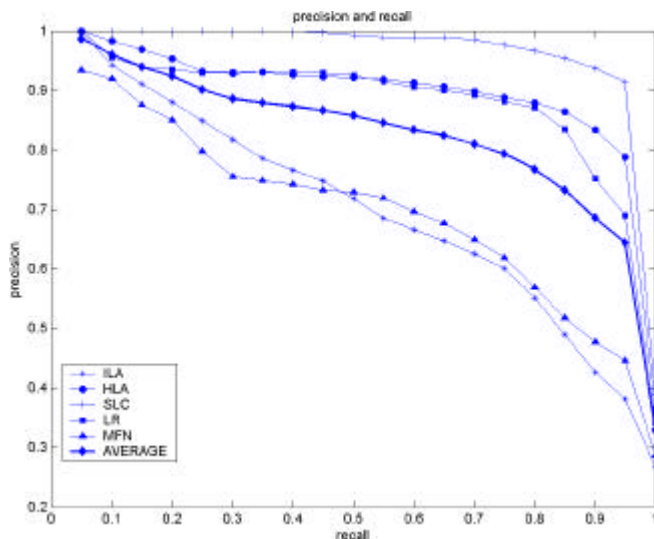
表 5.1 每种图像的查全率-查准率曲线下的面积。

Table 5.1 Area under the precision-recall curve for each class of images.

	面积		方差	
	Gabor 纹理	共生纹理	Gabor 纹理	共生纹理
肝囊肿	0.954	0.6434	0.026	0.1793
均匀低密度	0.886	0.4632	0.084	0.1330
碘油沉积	0.870	0.5298	0.167	0.1165
不规则低密度	0.688	0.3509	0.146	0.0842
多发结节型	0.687	0.5237	0.198	0.1048
平均值	0.817	0.5022		



(a)



(b)

图 5.7 每种图像的查准率-查全率曲线。(a) 基于共生纹理的检索，(b) 基于 Gabor 纹理的检索。

Fig.5.7 Precision vs recall for different class of images. (a) Co-existence texture based retrieval,

(b) Gabor texture based retrieval.

表 5.2 检索到 5 幅内容最接近图像时的查准率情况。

Table 5.2 Precisions when 5 nearest images are retrieved.

	Gabor 纹理		共生纹理	
	命中数	查准率	命中数	查准率
肝囊肿	5.0	100%	4.077	81%
均匀低密度	4.662	93%	2.939	59%
碘油沉积	4.648	93%	3.995	80%
不规则低密度	4.243	85%	2.540	51%
多发结节型	3.987	80%	2.691	54%
平均值	4.508	90%	3.248	65%

以上实验表明基于 Gabor 纹理特征的检索明显优于基于共生纹理的检索。这主要是因为共生纹理描述的是在固定的像素位置关系上出现某种图像灰度组合的频繁程度。从分析尺度上看，共生纹理是在某一固定尺度上分析图像的灰度分布；相反，Gabor 纹理分析具有多尺度的特性，它同时计算了图像在不同尺度下的灰度分布情况。另外，Gabor 变换是对人眼简单视觉神经元的响应特性的模拟，因此 Gabor 纹理分析的结果与医生对图像的影像表现的分析结果具有一定程度上的对应性。

## 5.5 本章小结

本章通过对肝脏病灶区域进行 Gabor 变换，然后利用 Gabor 变换域系数定义了一组 Gabor 纹理特征，来实现肝脏病灶区域的内容提取，作为肝脏 CT 图像内容描述的依据。在图像检索时，根据两幅图像之间 Gabor 特征向量的匹配程度来决定它们的内容相似性。Gabor 视觉特征提取的优点在于它能够模拟人眼视觉系统的响应特性，以此来探究医学图像的内容在医师眼中的反映。在实验中，我们利用欧几里德距离作为特征向量的匹配准则，通过查全率和查准率检验了基于 Gabor 纹理和共生纹理的检索效果。结果表明基于 Gabor 纹理的检索具有更好的查全率-查准率表现。



## 第 6 章 基于病灶区域小波纹理特征的肝脏 CT 图像检索

一幅图像所包含的信息可以用它在不同分辨率上的细节来描述。小波变换是多分辨率分析的有效工具。它把图像信号变换到不同的尺度空间，记录下图像在不同尺度下的细节信息。另外，小波变换作为空频分析的工具具有良好的空频局部性，小波系数既记录了信号的变化强度，又记录了信号变化的位置。因此，通过小波变换提取图像在不同尺度下小波系数的强度以及位置分布是分析图像特征的有效手段。在本章中，我们利用小波纹理分析方法，从肝脏 CT 图像的病灶区域中提取特征向量，用于病灶区域的内容描述。第一节引出小波变换的基本知识，第二节介绍了三种纹理特征提取方法，分别是显著小波系数法、基于金字塔分解的纹理提取和基于小波包分解的纹理提取。第三节以各种纹理特征向量作为检索的依据，对其进行了查全率、查准率评价。

### 6.1 二维信号的小波分解<sup>[76,91-93]</sup>

#### 6.1.1 一维小波变换

在第 4.4.2 小节，我们从平滑函数引出小波变换，这是为了分析信号奇异性的方便。本节从函数空间的多分辨率分析引出正交小波变换，作为图像小波纹理特征提取的基础。

设  $f(t)$  是低通平滑的尺度函数， $y(t)$  是与  $f(t)$  相对应的小波函数，并设  $y(t)$  和  $f(t)$  都是实函数。令  $f_{jk}(t)$  和  $y_{jk}(t)$  分别表示  $y(t)$  和  $f(t)$  的拉伸和整数移位变换：

$$f_{jk}(t) = 2^{-\frac{j}{2}} f(2^{-j}t - k) \quad (6.1a)$$

$$y_{jk}(t) = 2^{-\frac{j}{2}} y(2^{-j}t - k) \quad (6.1b)$$

对于  $\forall j$ ， $\{f_{jk}, k \in Z\}$  是一组正交归一基，它所张成的空间记为  $V_j$ ； $\{y_{jk}, k \in Z\}$  也是一组正交归一基，它所张成的空间记为  $W_j$ ，即：

$$V_j = \text{span}\{f_{jk}, k \in Z\} \quad (6.2a)$$

$$W_j = \text{span}\{y_{jk}, k \in Z\} \quad (6.2b)$$

由这种方式生成的  $\{V_j, j \geq 0\}$  是平滑空间序列， $\{W_j, j \geq 0\}$  是细节空间序列，它们满足以下性质[91]：

$$V_0 \supset V_1 \supset V_2 \supset \dots \quad (6.3a)$$

$$V_0 = V_1 \oplus W_1, \quad V_1 = V_2 \oplus W_2, \quad \dots, \quad V_j = V_{j+1} \oplus W_{j+1} \quad (6.3b)$$

式中“ $\oplus$ ”称为直接和，上述方式可以实现对空间  $V_0$  的直接和分解，即：

$$V_0 = W_1 \oplus W_2 \oplus W_3 \oplus \Lambda \oplus W_J \oplus V_J \quad (6.4)$$

对于任意一个信号  $f(t) \in V_0$ ，设它在各  $W_j, 1 \leq j \leq J$  上的投影记为  $g_j$ ：

$$g_j(t) = \sum_k d_k^j \mathbf{y}_{jk}(t) \quad (6.5)$$

其中， $d_k^j = \langle f(t), \mathbf{y}_{jk}(t) \rangle = 2^{-\frac{j}{2}} \int f(t) \mathbf{y}(2^{-j}t - k) dt$ 。给定小波函数  $\mathbf{y}(t)$ ， $f(t)$  在尺度  $a$  上的连续小波变换为：

$$WT_f(a, b) = \langle f(t), \mathbf{y}_{ab}(t) \rangle = \frac{1}{\sqrt{a}} \int f(t) \mathbf{y}\left(\frac{t-b}{a}\right) dt$$

由此可见，(6.5)式中的  $d_k^j$  实际就是  $f(t)$  在二进离散栅格  $(2^j, 2^j k)$  上的小波变换。因此序列  $\{d_k^j\}$  记录了信号在尺度  $2^j$  上的细节信息。另外，设  $f(t)$  在  $V_j$  上的投影记为  $f_j(t)$ ：

$$f_j(t) = \sum_k c_k^j \mathbf{f}_{jk}(t) \quad (6.6)$$

其中， $c_k^j = \langle f(t), \mathbf{f}_{jk}(t) \rangle = 2^{-\frac{j}{2}} \int f(t) \mathbf{f}(2^{-j}t - k) dt$ 。 $f_j$  包含了  $f(t)$  在尺度  $2^j$  上的低频平滑信息，是  $f(t)$  在尺度  $2^j$  的近似。由公式(6.4)：

$$f_0(t) = g_1(t) + g_2(t) + \Lambda + g_J(t) + f_J(t) \quad (6.7)$$

上式说明，通过将  $f_0(t)$  向  $W_j$  ( $1 \leq j \leq J$ ) 和  $V_J$  上投影，就可以得到  $f_0(t)$  在不同尺度下的细节信息和它的概要信息。这些信息分别由  $\{d_k^j\}$  和  $\{c_k^j\}$  记录。

在实际过程中得到的信号不可能包含无限多的细节，比如一个数字序列  $\{x_n\}$ 。因此总可以把一个实际信号看成是对某个平滑函数  $S_{2^j} f(t)$  的采样，即  $x_n = S_{2^j} f(n)$ 。并且  $S_{2^j} f(n)$  由下式得到[75]：

$$S_{2^j} f(t) = f * \mathbf{f}_{2^j}(t) = 2^{-\frac{j}{2}} \int f(t) \mathbf{f}(2^{-j}(t-t)) dt, \quad \mathbf{f}_{2^j}(t) = 2^{-\frac{j}{2}} \mathbf{f}\left(\frac{t}{2^j}\right)$$

结合(6.6)式中  $c_k^j$  的定义，可以把  $\{x_n\}$  看作一个  $\{c_k^j\}$  序列。不妨将  $\{x_n\}$  看作  $\{c_k^0\}$  序列。通过将  $\mathbf{f}_{2^j}(t)$  看作  $\mathbf{f}(t)$ ，这一点总是可以实现的。

### 6.1.2 一维小波分解的实现

设  $\mathbf{f}(t)$  是可以诱导出多分辨率分析的尺度函数， $\mathbf{y}(t)$  是对应的小波函数。由公式(6.3b)，由于  $\mathbf{f}(t/2) \in V_1$  和  $\mathbf{y}(t/2) \in W_1$  都属于  $V_0$ ，而且  $V_0$  是用  $\{\mathbf{f}(t-k), k \in \mathbb{Z}\}$  生成的，所以存在两个序列  $\{p_k\}$  与  $\{q_k\}$ ，使得以下两式成立：

$$\mathbf{f}\left(\frac{t}{2}\right) = \sum_k p_k \mathbf{f}(t-k) \quad (6.8a)$$

$$\mathbf{y}\left(\frac{t}{2}\right) = \sum_k q_k \mathbf{f}(t-k) \quad (6.8b)$$

上述两式分别称为尺度函数和小波函数的两尺度关系。另一方面，因为  $\mathbf{f}(t-l)$  属于  $V_0$ ，且  $V_0 = V_1 \oplus W_1$ ，而  $V_1$  和  $W_1$  分别是由  $\{\mathbf{f}(t/2-k), k \in \mathbb{Z}\}$  和  $\{\mathbf{y}(t/2-k), k \in \mathbb{Z}\}$  生成的，所以有：

$$\mathbf{f}(t-l) = \sum_k a_{l-2k} \mathbf{f}\left(\frac{t}{2} - k\right) + b_{l-2k} \mathbf{y}\left(\frac{t}{2} - k\right) \quad (6.9)$$

由式(6.5)、(6.6)、(6.9)，可以导出小波分解算法：

$$c_k^1 = \sum_l a_{l-2k} c_l^0 \quad (6.10a)$$

$$d_k^1 = \sum_l b_{l-2k} c_l^0 \quad (6.10b)$$

由式(6.5)、(6.6)、(6.8)，可以导出小波重建算法：

$$c_k^0 = \sum_l [p_{k-2l} c_l^1 + q_{k-2l} d_l^1] \quad (6.11)$$

图 6.1a 和 6.1b 分别显示了小波分解和重建的电路结构，方框表示滤波器， $\downarrow 2$  表示 2 取 1 的下采样， $\uparrow 2$  表示补 0 上采样。

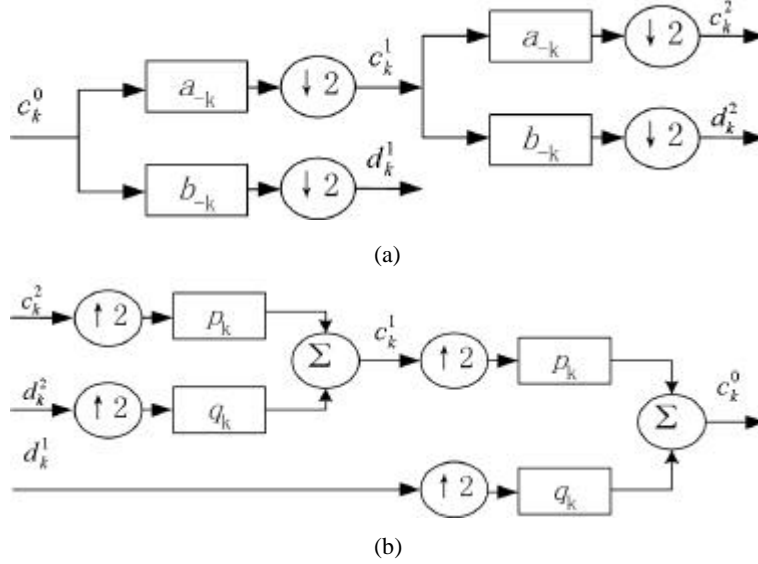


图 6.1 一维小波分解和重建示意图。(a) 小波分解，(b) 小波重建。

Fig.6.1 1-D wavelet decomposition and reconstruction. (a) Decomposition, (b) Reconstruction.

当  $\mathbf{y}$  是正交小波时，序列  $\{a_n\}$ 、 $\{b_n\}$  分别和  $\{p_n\}$ 、 $\{q_n\}$  相同。公式(6.10)、(6.11)显示了小波分解可以通过一个高通滤波器和一个低通滤波器来实现。本文只考虑  $\mathbf{y}$  为正交小波的情况。

### 6.1.3 在二维中的推广

设  $f(x_1, x_2)$  是尺度函数， $\mathbf{y}(x_1, x_2)$  是对应的小波函数。这里只考虑可分离的情况：

$$f(x_1, x_2) = f(x_1) f(x_2) \quad (6.12a)$$

$$\mathbf{y}(x_1, x_2) = \mathbf{y}(x_1) \mathbf{y}(x_2) \quad (6.12b)$$

设  $V_0(x_1, x_2)$  是由  $f(x_1, x_2)$  的整数移位集合张成的空间，则有：

$$V_0(x_1, x_2) = V_0(x_1) \otimes V_0(x_2) \quad (6.13)$$

式中“ $\otimes$ ”表示张量集。将式(6.3b)代入(6.13)：

$$\begin{aligned} V_0(x_1, x_2) &= [V_1(x_1) \oplus W_1(x_1)] \otimes [V_1(x_2) \oplus W_1(x_2)] \\ &= [V_1(x_1) \otimes V_1(x_2)] \oplus [W_1(x_1) \otimes V_1(x_2)] \oplus [V_1(x_1) \otimes W_1(x_2)] \oplus [W_1(x_1) \otimes W_1(x_2)] \end{aligned} \quad (6.14)$$

由此可见，空间  $V_0(x_1, x_2)$  被剖分成四部分：

$V_1(x_1) \otimes V_1(x_2)$ ，它的正交归一基是  $\{f_{lk}(x_1) f_{ll}(x_2); k, l \in \mathbb{Z}\}$ ，它表示平滑逼近的低通空间；  
 $W_1(x_1) \otimes V_1(x_2)$ ，它的正交归一基是  $\{\mathbf{y}_{lk}(x_1) f_{ll}(x_2); k, l \in \mathbb{Z}\}$ ，它表示  $x_1$  方向上的细节空间；  
 $V_1(x_1) \otimes W_1(x_2)$ ，它的正交归一基是  $\{f_{lk}(x_1) \mathbf{y}_{ll}(x_2); k, l \in \mathbb{Z}\}$ ，它表示  $x_2$  方向上的细节空间；  
 $W_1(x_1) \otimes W_1(x_2)$ ，它的正交归一基是  $\{\mathbf{y}_{lk}(x_1) \mathbf{y}_{ll}(x_2); k, l \in \mathbb{Z}\}$ ，它表示对角方向上的细节空间。

通过以上分析，在可分离情况下，二维小波分解可分两步进行：设  $f(x_1, x_2)$  表示一幅

图像, 先沿  $x_1$  方向分别用  $f(x_1)$  和  $y(x_1)$  作分析, 把  $f(x_1, x_2)$  分解成平滑逼近和细节两部分, 然后对这两部分再沿  $x_2$  方向分别用  $f(x_2)$  和  $y(x_2)$  作类似分析。图 6.2 是对图像进行小波分解的电路结构图。这样得到的四路输出 (或称四个子带图像) 分别用  $A_1, D_1^1, D_1^2, D_1^3$  表示, 称为  $f(x_1, x_2)$  的第一级分解。其中子带  $A_1$  表示  $f(x_1, x_2)$  的平滑逼近, 子带  $D_1^1, D_1^2, D_1^3$  分别表示  $x_2$  方向的细节、 $x_1$  方向的细节、以及斜方向上的细节。如果继续对子带  $A_1$  进行分解, 可以得到第二级分解结果, 用  $A_2, D_2^1, D_2^2, D_2^3$  表示。以此类推, 继续对  $A_j$  进行分解, 可以得到  $f(x_1, x_2)$  的金字塔分解结果。如果以  $D_j^1, D_j^2, D_j^3$  为输入, 用图 6.2 所示的方法进行分解, 并对分解所得的子带继续分解, 可以得到  $f(x_1, x_2)$  的小波包分解。图 6.3 为一幅肝脏 CT 图像的金字塔分解和小波包分解。

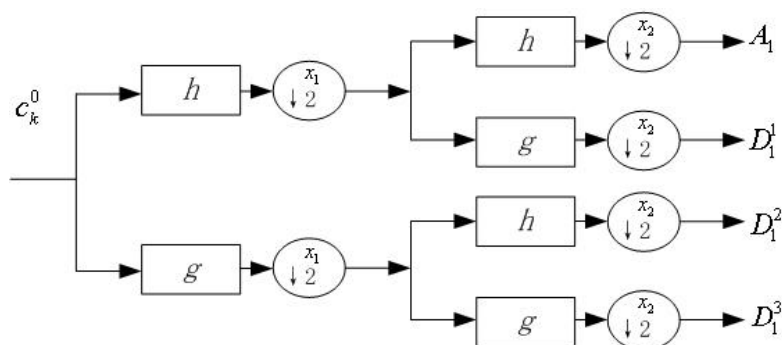


图 6.2 二维小波分解。

Fig.6.2 2-D wavelet decomposition.

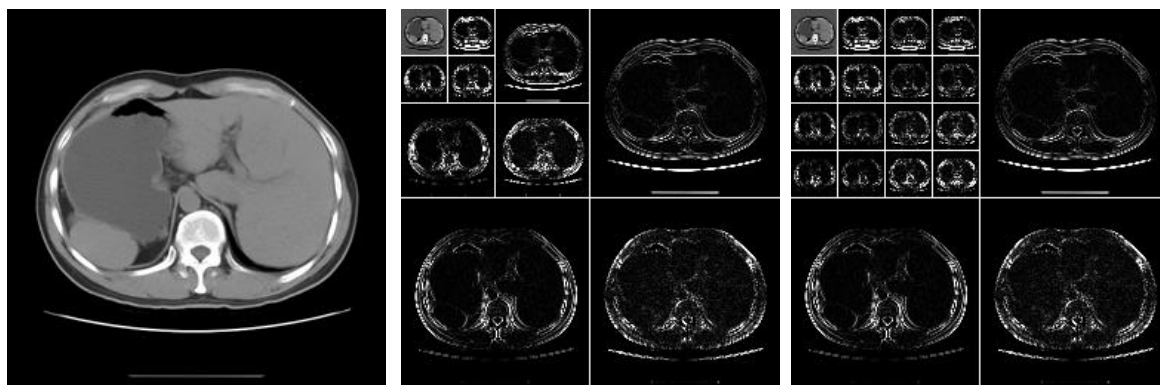
图 6.3 肝脏 CT 图像小波分解。(a) 原始图, (b) 三级小波分解, (c) 对子带  $H_2, V_2, D_2$  的继续分解。

Fig.6.3 Wavelet decomposition of a hepatic CT image. (a) Original image, (b) 3-level wavelet decomposition,

(c) Wavelet package decomposition.

## 6.2 病灶区域的小波纹理提取

一幅图像经过小波变换所生成的子带图像记录了原始图像在不同方向 and 不同尺度上的细节信息。图像在不同尺度上的表现可以作为描述图像内容的重要依据。为了提取肝脏病灶区域的特征, 我们以包含病灶区域的图像片段为输入图像, 然后对其进行小波变换, 分析其变换域系数并提取特征向量, 作为描述病灶区域内容的依据。本节介绍三种从小波变换域系数提取图像特征的方法, 分别是基于重要小波系数的特征提取算法、基于金字塔分

解的特征提取算法和基于小波包分解的特征提取算法。在下一节，我们将以查全率和查准率为依据，对这几种特征提取方法用于内容检索时所展示的有效性进行量化比较和评判。

## 6.2.1 基于重要小波系数的特征提取

和 Fourier, DCT 等正交变换一样，小波变换系数也具有能量集中的特点，即小波变换域的能量集中在少数小波系数中。或者说空频域中少数重要小波系数包含了图像大部分的细节信息。因此，从重要小波系数中提取图像特征作为描述图像内容的依据是可行的。

### 1 小波系数树及其特征提取

首先给出以下几个概念：

**重要系数和次要系数：**给定某一阈值  $T$ ，如果一个变换域系数的模大于  $T$ ，则称其为重要系数，否则为次要系数。

**子带序列：**原始图像经过  $N$  级小波变换以后，生成子带图像  $A_N, D_j^1, D_j^2, D_j^3$ 。称  $\{D_j^i, 1 \leq j \leq N\}$ ， $i=1, 2$  或  $3$ ，为一个子带序列，它表示同一方向不同尺度下的细节，记为  $D^i$ 。

**系数块：**子带图像的某个子图像称为一个系数块。一个单一小波系数是一个系数块的特例。

**系数块的能量：**设  $b(k, l)$ ， $1 \leq k \leq M$ ， $1 \leq l \leq N$ ，表示一个系数块，它的能量由下式计算：

$$E(b) = \frac{1}{KL} \sum_{k=1}^K \sum_{l=1}^L |b(k, l)|^2 \quad (6.15)$$

**小波系数树：**设  $D^i = \{D_j^i, 1 \leq j \leq N\}$  表示一个子带序列。令  $D_N^i(m, n)$  表示这个子带序列中第  $N$  级子带图像中  $(m, n)$  位置上的小波系数，它在下一级子带图像  $D_{N-1}^i$  中对应一个  $2 \times 2$  的小波系数块（记为  $D_{N-1}^i(m, n)$ ），在子带图像  $D_{N-2}^i$  中对应一个  $4 \times 4$  的小波系数块（记为  $D_{N-2}^i(m, n)$ ），……，在最后一级子带图像  $D_1^i$  中对应  $2^{N-1} \times 2^{N-1}$  的系数块（记为  $D_1^i(m, n)$ ）。这些来自不同子带图像的系数块记录了原始图像中某一位置在不同尺度下的细节信息。称这些小波系数块构成一个小波系数树，由于它是由小波系数  $D_N^i(m, n)$  的位置  $(m, n)$  唯一确定，故将其记为  $T^i(m, n)$ ：

$$T^i(m, n) = \text{con}(D_N^i(m, n), D_{N-1}^i(m, n), \dots, D_1^i(m, n)) \quad (6.16)$$

式中  $\text{con}$  表示级联。另外，称  $D_N^i(m, n)$  是小波系数树  $T^i(m, n)$  的根结点， $D_1^i(m, n)$  的各元素是其叶结点。

**重要小波系数树：**如果一个小波系数树的根结点是一个重要小波系数，则称这个小波系数树为一个重要小波系数树。

我们从小波系数树提取以下特征：

**小波系数树的能量：**一个小波系数树的能量用一个  $N$  维向量表示，它由小波系数树上各系数块的能量组成：

$$E(T^i(m,n)) = [E(D_N^i(m,n)), E(D_{N-1}^i(m,n)), \dots, E(D_1^i(m,n))] \quad (6.17)$$

小波系数树的高度：令  $C_T(D_j^i(m,n))$  表示系数块  $D_j^i(m,n)$  中重要小波系数的个数， $C(D_j^i(m,n))$  表示系数块  $D_j^i(m,n)$  中所有小波系数的个数（因此  $C(D_j^i(m,n)) = 4^{N-j}$ ）。小波系数树的高度由下式计算：

$$H(T^i(m,n)) = \frac{1}{N} \sum_{j=1}^N \frac{C_T(D_j^i(m,n))}{C(D_j^i(m,n))} \quad (6.18)$$

例如当  $N = 3$  时，设某个小波系数树第 3 级重要小波系数的个数为 1，第 2 级小波系数树的重要小波系数的个数为 3，第 1 级重要小波系数的个数为 7。则这个小波系数树的高度为：

$$H = \frac{1}{3} \cdot \left( \frac{1}{1} + \frac{3}{4} + \frac{7}{16} \right) = 0.73$$

一个小波系数树的高度最大值为 1，最小值为 0；一个重要小波系数树的高度最小值为  $1/N$ 。

小波系数树的茂盛度：令  $C_T(T^i(m,n))$  表示小波系数树  $T^i(m,n)$  中所有重要系数的个数，则有：

$$C_T(T^i(m,n)) = \sum_{j=1}^N C_T(D_j^i(m,n))$$

令  $C(T^i(m,n))$  表示小波系数树  $T^i(m,n)$  中所有小波系数的个数。则小波系数树的茂盛度用下式定义：

$$F(T^i(m,n)) = \frac{C_T(T^i(m,n))}{C(T^i(m,n))} \quad (6.19)$$

## 2 子带图像中重要小波系数的矩特征

子带图像中小波系数的分布情况也可以作为描述图像内容的依据，本文通过子带图像中重要小波系数的矩估计量来定义这一特征。首先给出以下概念：

图像的矩特征：令  $x(m,n)$  表示一幅二维图像，令  $(\bar{m}, \bar{n})$  表示  $x(m,n)$  的重心：

$$\bar{m} = \frac{\sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N m \cdot |x(m,n)|}{\sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N |x(m,n)|}, \quad \bar{n} = \frac{\sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N n \cdot |x(m,n)|}{\sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N |x(m,n)|}$$

$x(m,n)$  的  $p \times q$  阶中心矩表示为：

$$\mathbf{h}_{pq}(x) = \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N (m - \bar{m})^p (n - \bar{n})^q x(m,n) \quad (6.20)$$

子带图像序列的矩特征：对于某个子带图像  $D_j^i$ ，经过阈值  $T$  过滤仅保留其重要系数，记为  $D_{j,T}^i$ ：

$$D_{j,T}^i(m,n) = \begin{cases} D_j^i(m,n) & D_j^i(m,n) \geq T \\ 0 & D_j^i(m,n) < T \end{cases}$$

由子带图像  $D_{j,T}^i$  ( $1 \leq j \leq N$ ) 构成的子带图像序列记为  $D_T^i$ ，子带图像序列的矩特征是一个  $N$  维向量，由各子带图像的矩特征构成，记为  $\bar{\mathbf{h}}_{pq}(D_T^i)$ ：

$$\bar{\mathbf{h}}_{pq}(\mathbf{D}_T^i) = (\mathbf{h}_{pq}(\mathbf{D}_{N,T}^i), \mathbf{h}_{pq}(\mathbf{D}_{N-1,T}^i), \dots, \mathbf{h}_{pq}(\mathbf{D}_{1,T}^i)) \quad (6.21)$$

### 3 图像特征提取

根据以上两节定义的小波系数树的特征和子带图像的矩特征，本小节介绍图像的特征提取。它由以下几部分构成：

重要小波系数树的平均能量：

$$\overset{\omega}{E} = \sum_{i=1}^3 \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N \overset{\omega}{E}(\mathbf{T}^i(m,n)) \quad (6.22)$$

式中， $\overset{\omega}{E}(\mathbf{T}^i(m,n))$ 由公式(6.17)定义， $\overset{\omega}{E}$ 也是一个 $N$ 维向量。

重要小波系数树的平均高度：

$$H = \sum_{i=1}^3 \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N H(\mathbf{T}^i(m,n)) \quad (6.23)$$

式中 $H(\mathbf{T}^i(m,n))$ 由公式(6.18)定义。

重要小波系数树的平均茂盛度：

$$F = \sum_{i=1}^3 \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N F(\mathbf{T}^i(m,n)) \quad (6.24)$$

式中 $F(\mathbf{T}^i(m,n))$ 由公式(6.19)定义。

变换域系数的矩特征向量：

$$\bar{\mathbf{h}}_{pq} = \sum_{i=1}^3 \bar{\mathbf{h}}_{pq}(\mathbf{D}_T^i) \quad (6.25)$$

式中 $\bar{\mathbf{h}}_{pq}(\mathbf{D}_T^i)$ 由公式(6.21)定义。

定义一幅图像的特征向量由下式构成：

$$\mathbf{fv} = [\overset{\omega}{E}, H, F, \bar{\mathbf{h}}_{pq}] \quad (6.26)$$

式中 $\overset{\omega}{E}$ 和 $\bar{\mathbf{h}}_{pq}$ 是向量， $H$ 和 $F$ 是标量。

## 6.2.2 特定尺度参数下的小波纹理提取

一幅图像经过多级小波变换，某个尺度上的子带图像记录了它在这个尺度上的细节信息。本小节从某一尺度下的子带图像中提取小波纹理特征，作为比较两幅图像（这里指包含病灶区域的图像片段）在这一尺度下的内容匹配的依据。

### 1 子带图像的特征定义

设 $D_j^i$ （ $1 \leq i \leq 3$ ， $1 \leq j \leq N$ ）表示一幅子带图像， $D_j^i(m,n)$ 表示位于坐标 $(m,n)$ 处的小波系数。本文从子带图像 $D_j^i$ 定义了以下几个特征：

小波系数模的均值：

$$\bar{m}(D_j^i) = \frac{1}{MN} \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N |D_j^i(m, n)| \quad (6.27)$$

小波系数的平均能量:

$$\bar{s}^2(D_j^i) = \frac{1}{MN} \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N |D_j^i(m, n)|^2 \quad (6.28)$$

小波系数的熵:

$$E(D_j^i) = - \sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N p(m, n) \log p(m, n), \quad p(m, n) = \frac{|D_j^i(m, n)|}{\sum_{m=1}^M \sum_{n=1}^N |D_j^i(m, n)|} \quad (6.29)$$

小波系数的矩特征  $\mathbf{h}_{pq}(D_j^i)$ : 定义同公式(6.20)。

## 2 图像特征提取

将同一尺度上的三个子带图像  $\{D_j^1, D_j^2, D_j^3\}$  的相同参数组合成一个三维向量, 这样可以得到四个三维向量:

$$\bar{\mathbf{m}}_j = [\bar{m}(D_j^1), \bar{m}(D_j^2), \bar{m}(D_j^3)] \quad (6.30a)$$

$$\bar{\mathbf{s}}_j^2 = [\bar{s}^2(D_j^1), \bar{s}^2(D_j^2), \bar{s}^2(D_j^3)] \quad (6.30b)$$

$$\bar{E}_j = [E(D_j^1), E(D_j^2), E(D_j^3)] \quad (6.30c)$$

$$\bar{\mathbf{h}}_{pq,j} = [\mathbf{h}_{pq}(D_j^1), \mathbf{h}_{pq}(D_j^2), \mathbf{h}_{pq}(D_j^3)] \quad (6.30d)$$

根据以上四个特征向量, 构成图像的特征向量:

$$\mathbf{fv} = [\bar{\mathbf{m}}_j, \bar{\mathbf{s}}_j^2, \bar{E}_j, \bar{\mathbf{h}}_{pq,j}] \quad (6.31a)$$

同 Gabor 分析一样, 这里仍然不考虑角度的影响, 令  $\bar{\mathbf{m}}_j$ ,  $\bar{\mathbf{s}}_j^2$ ,  $\bar{E}_j$ ,  $\bar{\mathbf{h}}_{pq,j}$  分别表示  $\bar{\mathbf{m}}_j$ ,  $\bar{\mathbf{s}}_j^2$ ,  $\bar{E}_j$ ,  $\bar{\mathbf{h}}_{pq,j}$  对各自的元素从大到小排列 (或相反) 以后生成的特征向量。则图像的特征向量变为:

$$\mathbf{fv}' = [\bar{\mathbf{m}}_j', \bar{\mathbf{s}}_j'^2, \bar{E}_j', \bar{\mathbf{h}}_{pq,j}'] \quad (6.31b)$$

### 6.2.3 基于小波包分解的纹理特征提取

一幅图像经过小波变换后, 它所包含的高频信息可能更多地包含在某个尺度下的子带图像内。进行小波变换所使用的高通和低通滤波器组同样可以应用到某个细节子带图像  $D_j^i$ , 从而导出图像的小波包分解。本小节通过对某一尺度下的子带图像进一步实施小波分解, 然后从分解所得的子带图像中提取纹理特征, 作为更详细地描述子带信息的依据。



## 1 子带图像的特征定义

设  $D_j^i$  表示尺度  $j$  下的子带图像， $D_j^{ik}$  ( $1 \leq k \leq 4$ ) 表示对  $D_j^i$  进行小波分解以后生成的四个子带图像 (图 6.4)。由于医学图像中病灶区域只占较小的面积，因此不可能对子带图像进行更细的分解，这里我们只对  $D_j^i$  进行一次分解。针对每个子带图像  $D_j^{ik}$ ，提取它的均值、平均能量、熵和矩特征： $\mathbf{m}(D_j^{ik})$ 、 $\mathbf{s}^2(D_j^{ik})$ 、 $E(D_j^{ik})$ 、 $\mathbf{h}_{pq}(D_j^{ik})$ ，分别由公式(6.27)、(6.28)、(6.29)和(6.20)给出。

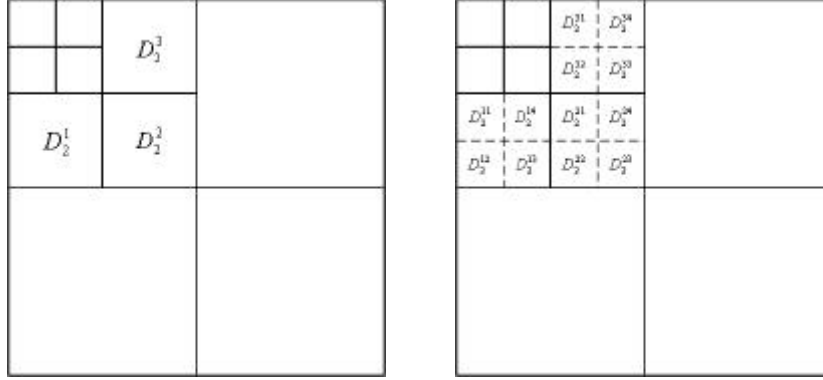


图 6.4 子带图像的小波分解。

Fig.6.4 Wavelet decomposition for subband image.

## 2 图像特征提取

给定  $1 \leq k \leq 4$ ，将子带图像  $D_j^{1k}$ 、 $D_j^{2k}$ 、 $D_j^{3k}$  的相同参数组合成一个三维向量，这样可以得到四个三维向量：

$$\bar{\mathbf{m}}_k = [\mathbf{m}(D_j^{1k}), \mathbf{m}(D_j^{2k}), \mathbf{m}(D_j^{3k})] \quad (6.32a)$$

$$\bar{\mathbf{s}}_j^{2k} = [\mathbf{s}^2(D_j^{1k}), \mathbf{s}^2(D_j^{2k}), \mathbf{s}^2(D_j^{3k})] \quad (6.32b)$$

$$\bar{E}_j^k = [E(D_j^{1k}), E(D_j^{2k}), E(D_j^{3k})] \quad (6.32c)$$

$$\bar{\mathbf{h}}_{pq,j}^k = [\mathbf{h}_{pq}(D_j^{1k}), \mathbf{h}_{pq}(D_j^{2k}), \mathbf{h}_{pq}(D_j^{3k})] \quad (6.32d)$$

根据以上各式，进一步构成向量  $\bar{\mathbf{m}}_j$ 、 $\bar{\mathbf{s}}_j^2$ 、 $\bar{E}_j$  和  $\bar{\mathbf{h}}_{pq,j}$ ：

$$\bar{\mathbf{m}}_j = [\bar{\mathbf{m}}_1, \bar{\mathbf{m}}_2, \bar{\mathbf{m}}_3, \bar{\mathbf{m}}_4] \quad (6.33a)$$

$$\bar{\mathbf{s}}_j^2 = [\bar{\mathbf{s}}_j^{21}, \bar{\mathbf{s}}_j^{22}, \bar{\mathbf{s}}_j^{23}, \bar{\mathbf{s}}_j^{24}] \quad (6.33b)$$

$$\bar{E}_j = [\bar{E}_j^1, \bar{E}_j^2, \bar{E}_j^3, \bar{E}_j^4] \quad (6.33c)$$

$$\bar{H}_{pq,j} = [\bar{H}_{pq,j}^1, \bar{H}_{pq,j}^2, \bar{H}_{pq,j}^3, \bar{H}_{pq,j}^4] \quad (6.33d)$$

根据以上四个特征向量，构成图像的特征向量：

$$fv = [\bar{m}_j^w, \bar{s}_j^{w^2}, \bar{E}_j^w, \bar{H}_{pq,j}^w] \quad (6.34a)$$

这里仍然不考虑角度的影响，令  $\bar{m}_j^w$ ,  $\bar{s}_j^{w^2}$ ,  $\bar{E}_j^w$ ,  $\bar{H}_{pq,j}^w$  分别表示  $\bar{m}_j^w$ ,  $\bar{s}_j^{w^2}$ ,  $\bar{E}_j^w$ ,  $\bar{H}_{pq,j}^w$  对各自的元素从大到小排列（或相反）以后生成的特征向量。则图像的特征向量变为：

$$fv' = [\bar{m}_j^{w'}, \bar{s}_j^{w'^2}, \bar{E}_j^{w'}, \bar{H}_{pq,j}^{w'}] \quad (6.34b)$$

由于  $\bar{m}_j^w$ ,  $\bar{s}_j^{w^2}$ ,  $\bar{E}_j^w$  和  $\bar{H}_{pq,j}^w$  的维数较高，因此上式中  $fv'$  的维数也较高。为了提高运算速度，可以只取  $\bar{m}_j^{w'}$ ,  $\bar{s}_j^{w'^2}$ ,  $\bar{E}_j^{w'}$  或  $\bar{H}_{pq,j}^{w'}$  的前几项。

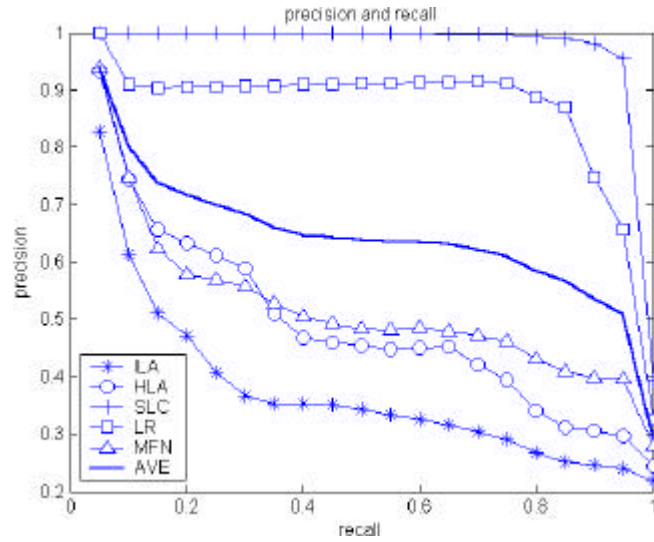
## 6.3 实验

上一节介绍了三种小波图像特征提取算法，即基于重要小波系数的特征提取、特定尺度参数下的小波纹理提取、基于小波包分解的纹理特征提取。为了验证上述各种纹理特征作为描述图像内容的特征向量时图像检索的效果，本节使用 Harr 小波变换，以查全率和查准率为依据，对这三种检索方法进行量化评判。本节的实验数据仍使用第 5 章中的 100 幅具有 5 种影像表现的肝脏 CT 图像。对于每幅图像，以包含病灶区域的矩形图像片断为小波变换的输入图像（图 5.4）。

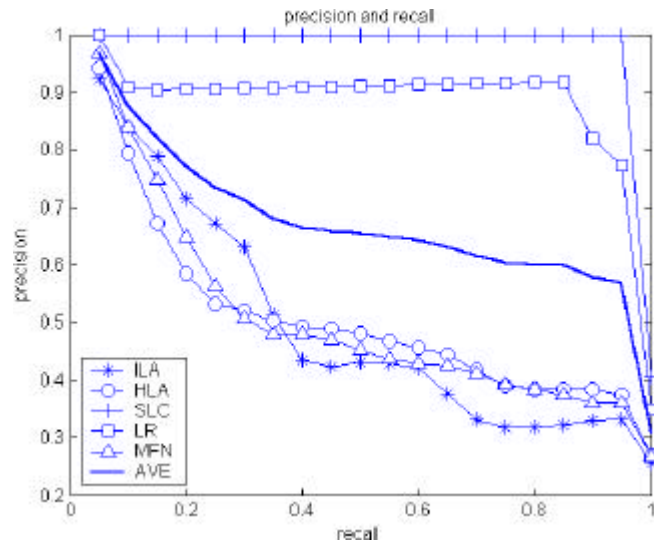
### 6.3.1 尺度参数对查全率和查准率的影响

小波变换作为空频分析的工具，当尺度参数改变时空间窗和频率窗的宽度随之而变。另一方面，医学图像中病灶区域作为一种灰度变化信号，它所对应的频率成份也处于某个频率范围之内。小波函数作为频率窗，如果它的频率范围能够和病灶区域信号的频率范围吻合得较好，那么利用这一小波函数对病灶区域进行纹理分析、进而应用于图像检索时检索效果将会令人满意。在多尺度小波变换时，小波函数频率窗的宽度和频率范围受尺度参数控制，因此尺度参数将会影响最终的查全率和查准率结果。

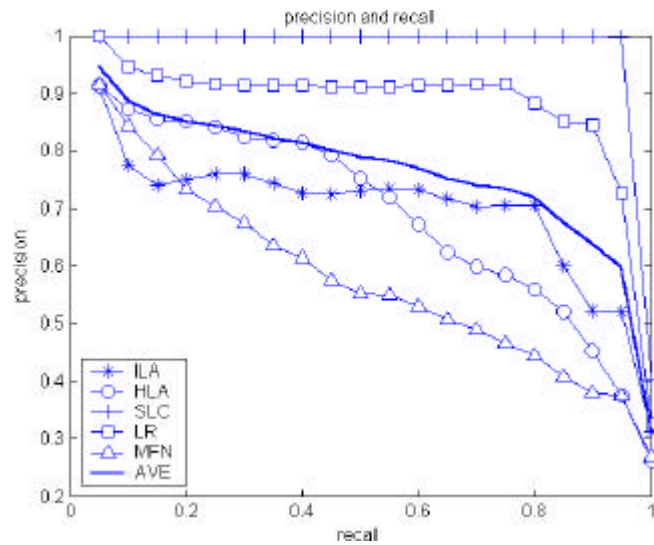
本小节的实验对第二种纹理提取方法，即特定尺度参数下的纹理提取进行了探讨，分析了尺度参数对查全率和查准率的影响。由于包含病灶区域的图像片断尺寸较小，我们只对其进行三级小波变换。图 6.5 给出了以公式(6.31)作为特征向量，当尺度参数分别取  $j=1$ , 2 和 3 时的查全率和查准率曲线。当尺度参数  $j=1$ ，从第一级小波分解子带图像（即  $D_1^1, D_1^2, D_1^3$ ）中提取特征向量时，肝囊肿（ILA）和碘油沉积（LR）型影像具有较高的查全率和查准率（图 6.5a），而浸润低密度（ILA）、均匀低密度（HLA）和多发结节型（MFN）病灶的查全率和查准率较低。图中的粗实线表示五种病灶平均的查全率-查准率曲线。当尺度参数  $j=2$  时，和  $j=1$  时具有类似的查全率-查准率曲线（图 6.5b），平均查全率-查准率曲线下的面积稍高（表 6.1）。当尺度参数  $j=3$  时，查全率-查准率曲线有较大提升。表 6.1 对三种尺度参数下每种影像表现对应的查全率-查准率曲线下的面积进行了比较。每种影像表现对应的查全率-查准率曲线是以此类影像表现中所有样本分别为检索对象所得的所有查全率-查准率曲线的平均，因此在表 1 中还给出了每种影像表现查全率-查准率曲线下面积的方差。从表 6.1 可以定量地看出，当尺度参数取  $j=3$  时，更适用于图像检索的要求。



(a)



(b)



(c)

图 6.5 不同尺度下的查全率和查准率比较。(a)  $j=1$ , (b)  $j=2$ , (c)  $j=3$ 。Fig.6.5 Precision-recall curves under different scale. (a)  $j=1$ , (b)  $j=2$ , (c)  $j=3$ .

表 6.1 使用特定尺度参数法时每种图像的查全率-查准率曲线下的面积。

Table 6.1 Area under the precision-recall curve for each class of images: feature extraction under specified scale.

影像表现	尺度参数 $j$					
	1		2		3	
	面积	方差	面积	方差	面积	方差
ILA	0.370	0.085	0.490	0.089	0.694	0.195
HLA	0.486	0.150	0.499	0.096	0.685	0.173
SLC	0.965	0.019	0.970	0.021	0.970	0.001
LR	0.861	0.240	0.876	0.245	0.874	0.228
MFN	0.516	0.108	0.500	0.109	0.573	0.131
AVE	0.639	0.120	0.667	0.112	0.759	0.146

### 6.3.2 三种纹理分析方法的比较

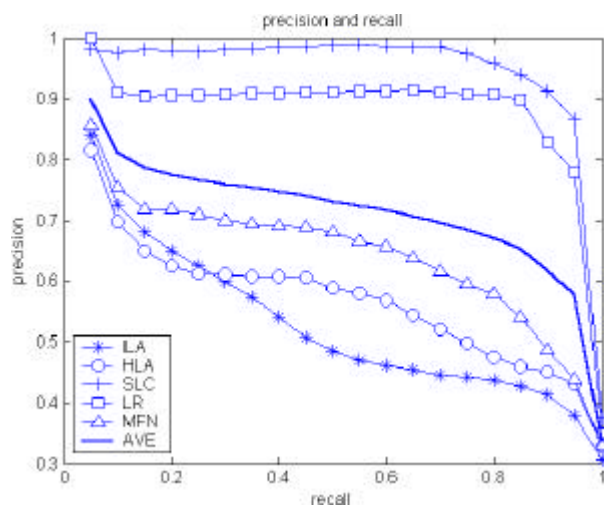
图 6.6 给出了利用三种不同的小波纹理特征提取算法每种图像对应的查全率和查准率曲线。粗实线代表五种图像类型的平均查全率和查准率曲线。图 6.6a 给出了基于重要小波系数特征提取的情况，图 6.6b 使用基于特定尺度参数的特征提取算法 ( $j=3$ )，图 6.6c 是基于小波包分解的特征提取 ( $j=3$ )。以平均查全率和查准率曲线为标准，基于小波包分解的特征提取算法最优 (图 6.6c)，其次是基于特定尺度参数的特征提取 (图 6.6b)。通过上一小节的分析，如果对图像进行三级小波分解，那么第三级子带图像中的小波系数在描述图像特征方面更具有代表性。而基于重要小波系数的特征提取算法使用了来自三个级别中的小波系数，因此检索结果较差。另外，图 6 显示了肝囊肿和碘油沉积型病灶具有较高的查全率和查准率。其它三种图像的查全率和查准率较低。表 6.2 是利用三种不同的特征提取算法时每种图像的查全率和查准率曲线下的面积和面积的方差。从表 6.2 中可以定量地看出三种特征提取算法的优劣。在实际的检索环境中，由于图像数量巨大，往往不可能检索出所有相似的图像。仅取出少数几幅内容最接近的图像通常能够满足要求。表 6.3 给出了仅取 6 幅内容最近似图像时的查准率情况。

表 6.2 使用三种特征提取算法时每种图像查全率-查准率曲线下的面积。

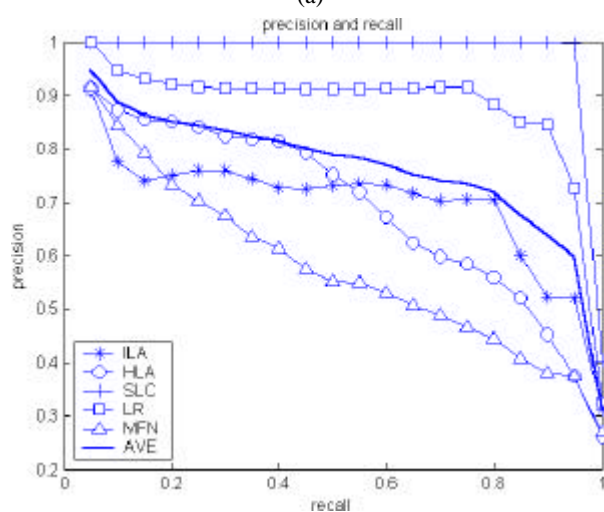
Table 6.2 Comparison of three feature extraction methods:

area under the precision-recall curve for each class of images.

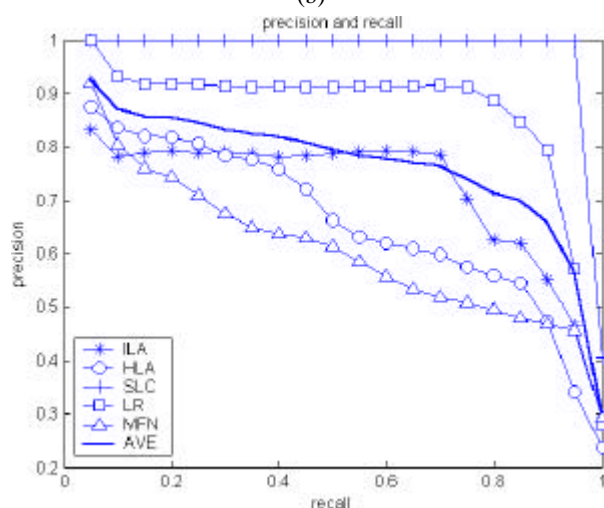
影像表现	特征提取算法					
	重要小波系数法		特定尺度参数法		小波包分解法	
	面积	方差	面积	方差	面积	方差
ILA	0.523	0.043	0.694	0.195	0.716	0.227
HLA	0.563	0.070	0.685	0.173	0.652	0.195
SLC	0.939	0.062	0.970	0.001	0.970	0.001
LR	0.875	0.244	0.874	0.228	0.859	0.227
MFN	0.638	0.117	0.573	0.131	0.602	0.148
AVE	0.708	0.107	0.759	0.146	0.760	0.159



(a)



(b)



(c)

图 6.6 三种特征提取算法对应的查全率和查准率曲线。(a) 重要小波系数特征，(b) 特定尺度参数的特征提取算法 ( $j=3$ )，(c) 小波包分解特征 ( $j=3$ )

Fig.6.6 Precision-recall curves with respect to three feature extraction algorithms proposed in this paper. (a) Salient wavelet coefficients based feature extraction, (b) Feature extraction under specified scale ( $j=3$ ), (c) Feature extraction based on wavelet package decomposition ( $j=3$ ).

表 6.3 使用三种特征提取算法时检索到 6 幅内容最接近图像时的查准率情况。

Table 6.3 Comparison of three feature extraction methods: precisions when 6 best matched images are retrieved.

影像表现	特征提取算法					
	重要小波系数法		特定尺度参数法		小波包分解法	
	正确数	查准率	正确数	查准率	正确数	查准率
ILA	3.59	60%	4.562	76%	4.7438	79%
HLA	3.6607	61%	4.9437	83%	4.6995	78%
SLC	5.8821	98%	6	100%	6	100%
LR	5.4419	91%	5.479	91%	5.4799	91%
MFN	4.1936	70%	4.0426	67%	4.0406	67%
AVE	4.5537	76%	5.0055	83%	4.9928	83%

### 6.3.3 和 Gabor 方法的比较

图 6.7 所示为基于 Gabor 特征的检索与基于小波包特征的检索方法的查全率和查准率曲线。图 6.8 针对每一种图像类型，给出了 Gabor 方法和小波包方法的查全率和查准率曲线的比较。从图 6.7 和 6.8 可以看出，基于 Gabor 纹理的图像检索优于基于正交小波方法的图像检索方案。这主要是由于 Gabor 函数的响应特性是对人眼的简单视觉神经元的响应特性的近似，因此 Gabor 方法在提取图像特征方面更有效。从图 6.8 可以看出，除了针对碘油沉积型病灶两种方法的检索结果相近以外，对于其它类型的病灶，Gabor 方法均优于基于小波包分解的特征提取方法。

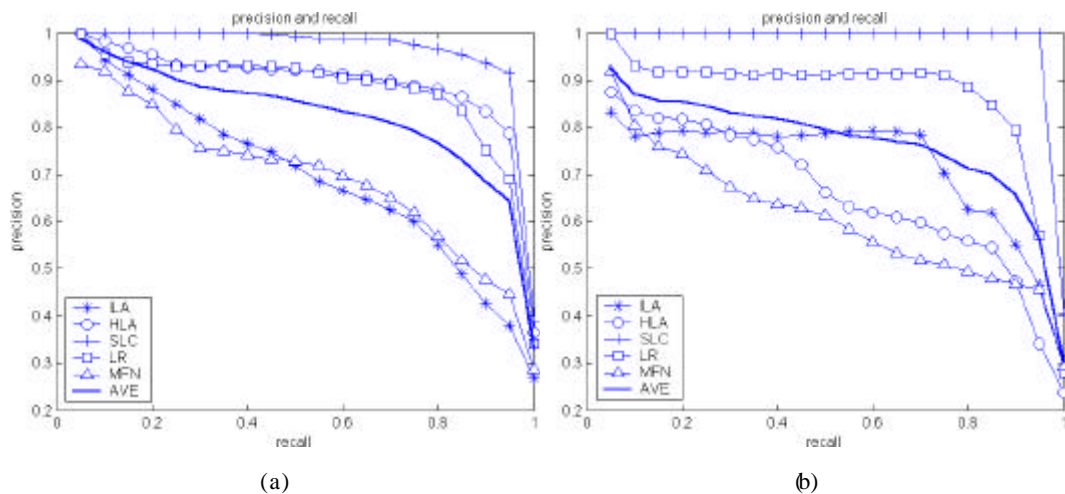


图 6.7 基于 Gabor 纹理和基于小波纹理的查全率和查准率比较。(a) 基于 Gabor 特征的检索，  
(b) 基于小波包特征的检索。

Fig.6.7 Comparison of Gabor feature based retrieval and wavelet feature based one.

(a) Gabor feature based retrieval, (b) Wavelet package feature based approach.

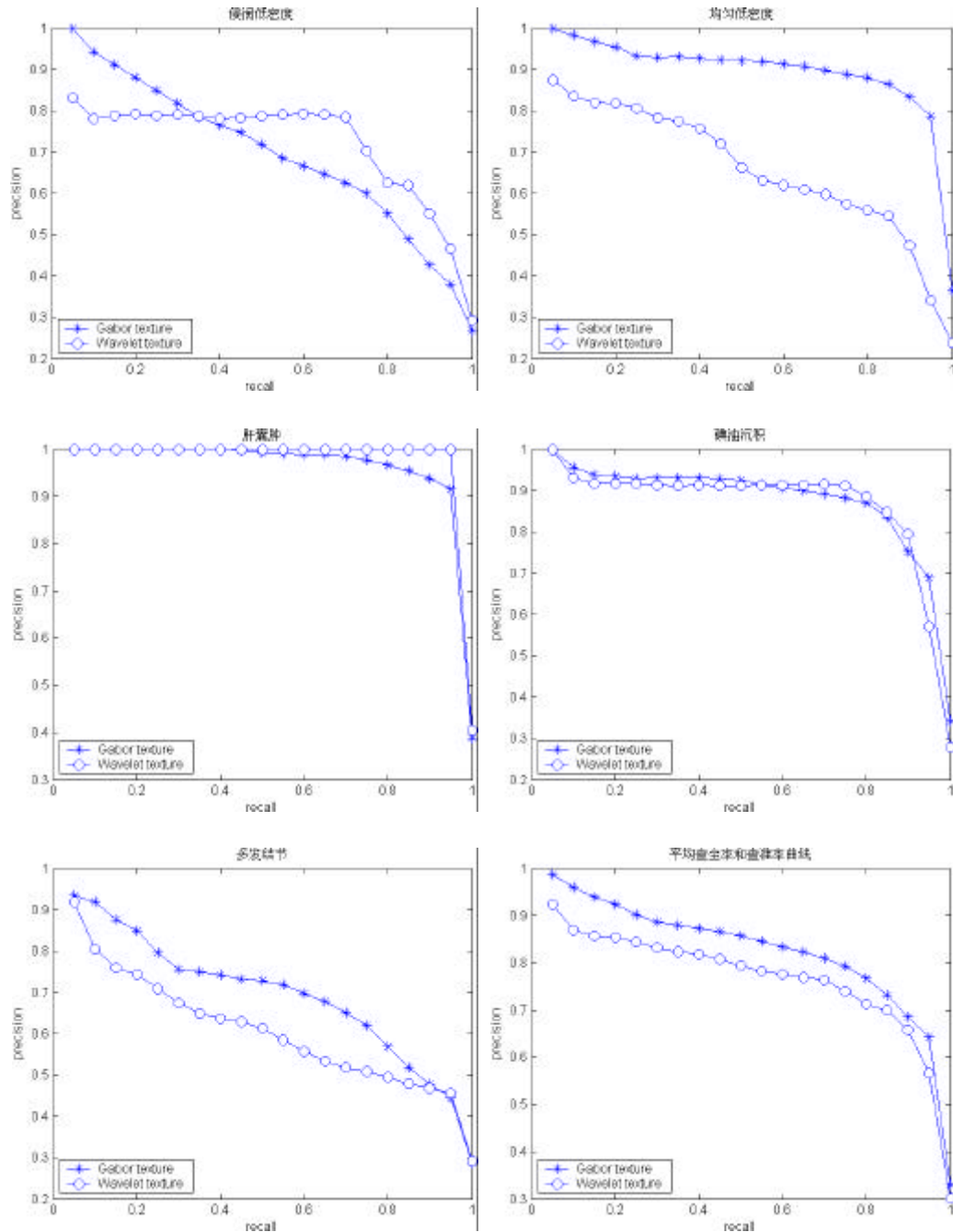


图 6.8 针对每种影像表现 Gabor 纹理和小波纹理的查全率和查准率比较。

Fig.6.8 Comparison of Gabor feature based retrieval and wavelet feature based retrieval for precision-recall curves with respect to each type of CT manifestation.

以上实验表明基于 Gabor 纹理特征的检索结果优于基于正交小波纹理特征的检索。Gabor 滤波器是对人眼简单视觉神经元响应特性的模拟，在图像分析时本文所用的 Gabor 滤波器组考虑四个方向，而正交小波变换只考虑三个方向（水平、垂直、斜方向）。因此相对而言，正交小波变换的方向选择性较粗糙。从算法设计上，Gabor 滤波器组的中心频率可以根据需要选取；而正交小波变换所使用的现成的高通和低通滤波器的频率响应特性是固定的。当然，这一点可以通过对高低通滤波器组进行调整来改进。另外，相对于 Gabor 变换，正交小波变换具有运算速度快的优点。

## 6.4 本章小节

本章利用小波分析的方法，提出了三种从病灶区域提取图像特征的方法：重要小波系数法、特定尺度参数法、小波包分解法。在实验中，我们以查全率和查准率为准则，对三种方法进行了评判，其中小波包分解法具有最好的效果。另外，本章还对基于正交小波纹理的图像检索和基于 Gabor 纹理的检索进行了比较，Gabor 纹理在应用于肝脏 CT 图像检索时优于正交小波纹理。



## 第 7 章 总结与展望

本文对肝脏 CT 图像的基于内容的检索进行了较为深入的研究。提出和设计了包括肝脏区域分割、病灶区域识别、基于肝脏形状特征的检索和基于病灶纹理特征的检索等算法。本章总结了全文所做的工作，并对后续研究做简单介绍。

### 7.1 工作总结

基于内容的医学图像检索是基于内容的图像检索 (CBIR) 在医学领域的应用，它的成功需要将图像处理技术和医学影像学知识相结合。本文对肝脏 CT 图像的基于内容的检索进行了较为深入的研究，提出和设计了包括肝脏区域的分割、病灶区域的识别、肝脏形态特征提取和基于肝脏形态特征的检索、肝脏病灶特征的提取和基于肝脏病灶特征的检索等一整套相关算法。

本文第 2 章探讨了基于可形变模型的肝脏轮廓提取算法和基于数学形态学的分割算法，并对这些算法的效果进行了评价。肝脏在 CT 影像中通常表现为一个灰度平坦区域，分水岭算法比较适合解决这类区域的分割问题。

本文第 3 章利用有限混合器模型和形态学滤波相结合的方法分割出病灶区域，为后续分析打好基础。

本文第 4 章提出了一种基于肝脏形态特征的检索算法。这些特征包括肝脏的大小、形状规则性、边缘规则性、肝裂情况。还提出了一种肝段自动划分算法，以利于定位病灶所处的肝段。

本文第 5 章利用 Gabor 变换提出了一种基于病灶区域的 Gabor 视觉特征的检索算法。Gabor 变换的优点在于它的响应特性与人眼简单视觉神经元的响应特性比较接近。

本文第 6 章提出了三种基于正交小波纹理特征的检索算法。和基于 Gabor 纹理特征的检索算法相比，基于正交小波纹理的检索算法在查全率和查准率方面稍差。

根据以上这些算法本文设计了 HCBIR 系统，为肝脏 CT 图像领域中 CBIR 技术的实际应用作了铺垫。图 7.1 是 HCBIR 系统的工作界面，左边的纵向窗口 (B) 显示了当日图像列表，医生可以对每幅图像进行分割、特征提取、存储等操作。中间的窗口 (A) 是图像处理窗，为医生提供交互式的图像处理工具。底端的窗口 (C) 是以窗口 A 中的图像为样图实施基于内容的检索时搜索到的图像列表，按内容接近程序依次排列，点击可以显示大图。

### 7.2 后续工作展望

在后续工作中，我们将考虑以下几方面的工作：

在医学影像学专家指导下逐步收集整理更多的包括不同疾病种类和影像表现的肝脏 CT 图像，并从影像学的角度对 HCBIR 系统的辅助意义进行量化评判。

改进特征匹配算法，提高检索速度。本文中，我们使用特征向量之间的欧几里德距离作为内容匹配的准则。当数据库中图像数据增多时，这种特征匹配算法不能满足实际要求。基于决策树的匹配算法能够从一定程度上解决这一问题。利用主分量分析方法对特征向量

进行降维处理也能从一定程度上解决检索速度问题。引进并行处理算法可以从代码实现上提高检索速度。

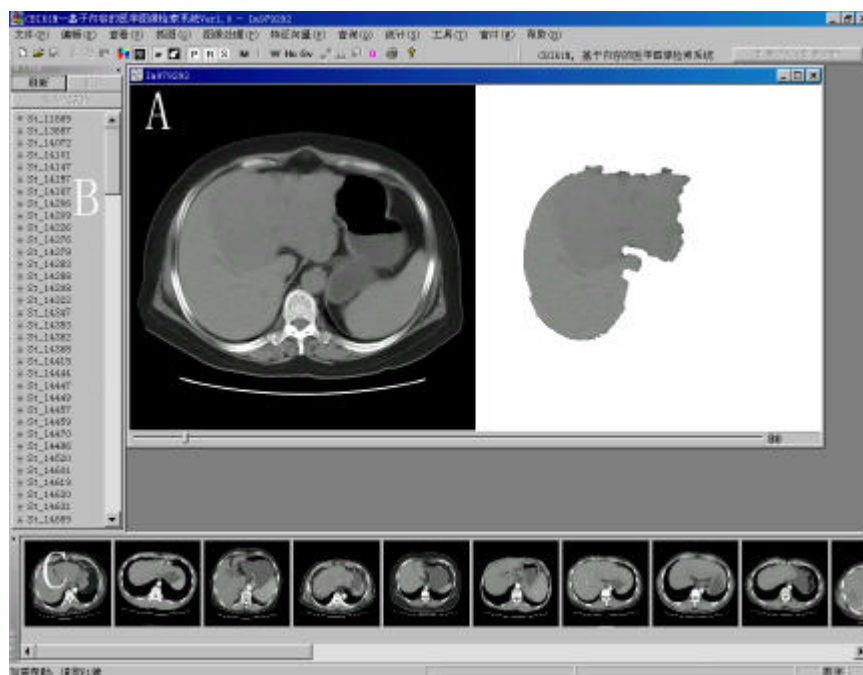


图 7.1 HCBIR 系统主界面。

Fig.7.1 User interface of HCBIR system.

建立基于网格计算技术的图像检索系统。基于内容的图像检索有以下几个特点：①多领域 (multi-disciplinary)，涉及图像处理、视觉特征表达、机器学习、数据库技术；②数据量巨大，对于一般图像检索，涉及网络上的各种数字图像、音视频，对于医学图像，涉及海量医学图像数据库；③数据种类繁多，对于一般图像数据库这是显然的，对于医学图像数据库，涉及不同的成像模式、不同的解剖部位，从而涉及种类繁多的处理方法；④对多任务和数据共享的要求高，即应该允许多个医师同时处理图像、提取特征、进行检索，并且图像处理结果可以共享。⑤对处理速度的要求高。鉴于以上特点，传统的基于单机的算法设计甚至是分布式处理将是基于内容的检索理论向前发展的一个瓶颈。网格计算是一种全新的科学计算思想，它着重于大规模资源共享、多学科协同计算、高效的运算性能和面向庞大数据流量。在网格计算环境中，系统能够把整个计算任务分配给网格环境中闲置的计算资源，从而能够有效应用庞大的数据集和闲散的计算资源，提高数据处理效率。基于内容的图像检索作为一种多领域的研究方向，高效的科学计算方法将促进这一研究领域的发展。可以预见网格计算是解决基于内容的图像检索的技术瓶颈的一种有效途径。文献[48]讨论了在网络计算的环境上建立医学 CBIR 系统的可行性。

## 参考文献

- [1] M. Flickner, H. Sawhney, W. Niblack, et al. Query by image and video content: The QBIC system [J]. IEEE Computer, 1995, vol. 28, no. 9, pp23-32.
- [2] A. Pentland, R. W. Picard, and S. Sclaroff. Photobook: Tools for content-based manipulation of image databases. Proc. SPIE, 1994, vol. 2185, pp34-47.
- [3] W. Y. Ma. Netra: A Toolbox for Navigating Large Image Databases. Ph.D. dissertation, Department of Electrical and Computer Engineering, Univ. of California, Santa Barbara, CA, 1997.
- [4] S. MacArthur, C. Brodley, A. Kak, et al. Interactive Content-Based Image Retrieval Using Relevance Feedback. Computer Vision and Image Understanding, 2002, vol. 88, no. 2, pp55-75;
- [5] C. Byoung, H. Byun. Query-by-Gesture: An Alternative Content-Based Image Retrieval Query Scheme. Journal of Visual Languages & Computing, 2002, vol. 13, no. 4, pp375-390.
- [6] 徐旭, 朱森良, 梁倩卉. 一种用于CBIR系统的主色提取及表示方法. 计算机辅助设计与图形学学报, 1999年, 第11卷, 第5期, 385-388页。
- [7] 曹莉华, 柳伟, 李国辉. 基于多种主色调的图像检索算法研究与实现. 计算机研究与发展, 1999年, 第36卷, 第1期, 96-100页。
- [8] 刘忠伟, 章毓晋. 十种基于颜色特征图像检索算法的比较和分析. 信号处理, 2000年, 第16卷, 第1期, 79-84页。
- [9] 任金昌, 赵荣椿, 冯大淦. 用形状相似性进行基于内容的图像检索. 中国体视学与图像分析, 2000年, 第5卷, 第1期, 44-48页。
- [10] D. T. Hemant, M. Frans, C. Conrade, S. James, et al. Arrangement: A Spatial Relation Between Parts for Evaluating Similarity of Tomographic Section. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1995, vol. 17, no. 9, pp880-893.
- [11] C. Shyu, A. Kak, et al. Testing for Human Perceptual Categories in a Physician-in-the-loop CBIR System for Medical Imagery, IEEE Workshop on Content-Based Access of Image and Video Libraries, 1999. (CBAIVL '99) Proceedings, pp102-108.
- [12] C. Shyu, C. Brodley, A. Kak, et al. ASSERT, A physician-in-the-loop content-based image retrieval system for HRCT image databases. Computer Vision and Image Understanding, 1999, vol. 75, no. (1/2), pp111-132.
- [13] A. M. Aisen, L. S. Broderick, H. Winer-Muram, et al. Automated storage and retrieval of thin section CT images to assist diagnosis: System description and preliminary assessment. Radiology, 2003, vol. 228, no. 1, pp265-270.
- [14] P. M. Kelly, M. Cannon, J. E. Barros. Efficiency issues related to probability density function comparison. In: Ishwar K. Sethi, Ramesh Jain eds. SPIE Proceedings, Storage and Retrieval for Image and Video Databases IV, SPIE Proceedings Vol. 2670, San Diego/La Jolla, CA, USA, 1996: IEEE, 1996, 42-49.
- [15] C. T. Liu, P. L. Tai, A. Y. Chen, et al. A content based medical teaching file assistant for CT lung image retrieval. In: Proceedings of the IEEE International Conference on Electronics, Circuits, Systems (ICECS2000), Jouneih Kaslik, Lebanon, 2000.
- [16] D. Comaniciu, P. Meer, D. Foran, et al. Bimodal system for interactive indexing and retrieval of pathology images. In: Proceedings of the Fourth IEEE Workshop on Applications of Computer Vision (WACV'98), Princeton, NJ, USA, 1998, pp76-81.

- [17] W. J. Kuo, R. F. Chang, C. C. Lee, et al. Retrieval technique for the diagnosis of solid breast tumors on sonogram. *Ultrasound in Medicine and Biology*, 2002, vol. 28, no. 7, pp903-909.
- [18] Weidong Cai, Dagan Feng, R. Fulton. Content-based retrieval of dynamic PET functional images. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, 2000, vol. 4, no. 2, pp 152-158.
- [19] H. Abe, H. MacMahon, R. Engelmann, et al. Computer aided diagnosis in chest radiography: Results of large scale observer tests at the 1996-2001 RSNA scientific assemblies, *Radio Graphics*, 2003, vol. 23, no. 1, pp 255-265.
- [20] Y. Liu, A. Lazar, W. E. Rothfus, et al. Classification-driven feature space reduction for semantic based neuroimage retrieval, in: *Proceedings of the International Symposium on Information Retrieval and Exploration in Large Medical Image Collections (VISIM 2001)*, Utrecht, The Netherlands, 2001.
- [21] Y. Liu, F. Dellaert. Classification-driven medical image retrieval, in: *Proceedings of the ARPA Image Understanding Workshop*, 1997.
- [22] S. Antani, L. R. Long, G. R. Thoma. A biomedical information system for combined content based retrieval of spine x-ray images and associated text information, in: *Proceedings of the 3rd Indian Conference on Computer Vision, Graphics and Image Processing (ICVGIP 2002)*, Ahamdabad, India, 2002.
- [23] Muller, H., Michoux, N., Bandon, et al. A review of content-based image retrieval systems in medical applications-clinical benefits and future directions. *International Journal of Medical Informatics*, 2004, vol. 73, pp1-23.
- [24] L. Vincent, P. Soille. Watersheds in Digital Spaces: An Efficient Algorithm Based on Immersion Simulations. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1991, vol. 13, no. 6, pp583-598.
- [25] R. Malladi, A. Sethian, C. Vemuri. Shape Modeling with Front Propagation: A Level Set Approach. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1995, vo. 17, no. 2, pp158-175.
- [26] Kass, M., Witkins, A., Terzopoulos, D., 1987. Snakes: active contour models. *International Journal of Computer Vision*. 1(4), 321-331.
- [27] D. M. Kwak, B. S. Kim, O. K. Yoon, et al. Content based ultrasound image retrieval using a coarse to fine approach, *Annals of the New York Acedemy of Sciences* 980, 2002, pp212-224.
- [28] C. Brodley, A. Kak, C. Shyu, et al. Content based retrieval from medical image databases: A synergy of human interaction, machine learning and computer vision. In: *Proceedings of the 10<sup>th</sup> National Conference on Artificial Intelligence*, Orlando, FL, USA, 1999, pp760-767.
- [29] H. Muller, A. Rosset, J. P. Vallee, et al. Integrating content based visual access methods into a medical case database. in: *Proceedings of the Medical Informatics Europe Conference (MIE 2003)*, St. Malo, France, 2003.
- [30] S. Antani, L. R. Long, G. R. Thoma. A biomedical information system for combined content based retrieval of spine x-ray images and associated text information, In: *Proceedings of the 3rd Indian Conference on Computer Vision, Graphics and Image Processing (ICVGIP 2002)*, Ahamdabad, India, 2002.
- [31] J. M. Bueno, F. Chino, A. J. M. Traina, et al. How to add content based image retrieval capacity into a PACS. In: *Proceedings of the IEEE Symposium on Computer Based Medical Systems (CBMS 2002)*, Maribor, Slovenia, 2002, pp.321-326.

- [32] W. W. Chu, A. F. C\_ardenas, R. K. Taira. KMED: A knowledge based multimedia distributed database system, *Information Systems* 1994, vol. 19, no.4, pp33-54.
- [33] E. G. M. Petrakis. Content based retrieval of medical images, *International Journal of Computer Research*, 2002, vol. 11, no.2, pp171-182.
- [34] T. Frankewitsch, U. Prokosch. Navigation in medical internet image databases. *Medical Informatics*, 2001, vol. 26, no. 1, pp1-15.
- [35] S. C. Orphanoudakis, C. E. Chronaki, D. Vamvaka. I2Cnet: Content based similarity search in geographically distributed repositories of medical images, *Computerized Medical Imaging and Graphics* 1996, vol. 20, no. 4, pp193-207.
- [36] L. H. Tang, R. Hanka, R. Lan, et al. Automatic semantic labelling of medical images for content based retrieval, in: *Proceedings of the International Conference on Artificial Intelligence, Expert Systems and Applications (EXPERTSYS 1998)*, Virginia Beach, VA, USA, 1998, pp. 77-82.
- [37] L. H. Tang, R. Hanka, H. H. S. Ip, et al. Extraction of semantic features of histological images for content based retrieval of images, in: *Proceedings of the IEEE Symposium on Computer Based Medical Systems (CBMS2000)*, Houston, TX, USA, 2000.
- [38] M. E. Mattie, L. Staib, E. Stratmann, et al. PathMaster: Content based cell image retrieval using automated feature extraction. *Journal of the American Medical Informatics Association* 7, 2000, pp404-415.
- [39] L. H. Tang, R. Hanka, H. H. S. Ip, et al. Semantic query processing and annotation generation for content based retrieval of histological images. in: *International Symposium on Medical Imaging*, Vol. 3976 of *SPIE Proceedings*, San Diego, CA, USA, 2000.
- [40] E. G. M. Patrakis, C. Faloutsos. Similarity searching in medical image databases, *IEEE Transactions on Knowledge and Data Engineering*, 1997, vol. 9, no. 3, pp 435-447.
- [41] G. P. Robinson, H. D. Targare, J. S. Duncan, et al. Medical image collection indexing: Shape based retrieval using KD-trees. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 1996, vol. 20, no. 4, pp 209-217.
- [42] D. T. Hemant. Increasing Retrieval Efficiency by Index Tree Adaptation. Editor not available. In: *Proceedings of IEEE Workshop on Content-Based Access of Image and Video Libraries*, San Juan, Puerto Rico: IEEE, 1997, 28-35.
- [43] U. Sinha, H. Kangarloo. Principal component analysis for content based image retrieval. *Radio Graphics*, 2002, vol. 22, no. 5, pp1271-1289.
- [44] R. Chbeir, Y. Amghar, A. Flory, et al. A hyper-spaced data model for content and semantic-based medical image retrieval. Editor not Available. *ACS/IEEE International Conference on Computer Systems and Applications*, IEEE Computer Society, Beirut, Lebanon: IEEE, 2001, pp161-167.
- [45] K.K.T. Cheung, H. S. Horace, R. Lam, et al. An object-oriented framework for content-based image retrieval based on 5-tier architecture. Edit not available. *Sixth Asia Pacific Software Engineering Conference, Apsec'99*, Takamatsu, Japan: IEEE, 1999, pp174 -177.
- [46] T. M. Lehmann, M. O. Guld, C. Thies, et al. Content based image retrieval in medical applications for picture archiving and communication systems. in: *Medical Imaging*, Vol. 5033 of *SPIE Proceedings*, San Diego, California, USA, 2003.
- [47] C. Le Bozec, E. Zapletal, M. C. Jaulent, et al. Towards content based image retrieval in HIS integrated PACS, in: *Proceedings of the Annual Symposium of the American Society for Medical Informatics (AMIA)*, Los Angeles, CA, USA, 2000, pp477-481.

- [48] H. Müller, A. Rosset, J. P. Vallée, et al. Integrating Content-Based Access Methods into a Medical Case Database. Proceedings of Medical Informatics Europe (MIE 2003), St. Malo, France, 2003.
- [49] J. R. Bach, C. Fuller, A. Gupta, et al. The Virage image search engine: An open framework for image management. SPIE Digital Image Storage and Archiving Systems, Feb. 1996, vol. 2670, pp. 76–87.
- [50] Y. Rui, T. S. Huang, S. Mehrotra. Content-based image retrieval with relevance feedback in MARS. In: Proc. IEEE Int. Conf. on Image Processing'97, Santa Barbara, CA, Oct. 26–29, 1997. pp. 815–818.
- [51] V. E. Ogle, M. Stonebraker. Chabot: Retrieval from a relational database of images. IEEE Computer, 1995, vol. 28, no. 9, pp40–48.
- [52] J. S. Jin, H. Greenfield, R. Kurniawati. CBIR-VU: A new scheme of processing visual data in multimedia systems. In: Lecture Notes in Computer Science: Visual Information Systems, C. H. C. Leung, Ed., 1997, pp40–65.
- [53] M. Kass, A. Witkins, D. Terzopoulos. Snakes: active contour models. International Journal of Computer Vision. 1987, vol. 1, no. 4, pp321-331.
- [54] W. Min, Z. Yongjin, W. Mingxi. A fast snake model based on non-linear diffusion for medical image segmentation. Computerized Medical Imaging and Graphics, 2004, vol. 28, no. 3, pp109-117.
- [55] X. M. Pardo, M. J. Carreira, A. Mosquera, et al. A snake for CT image segmentation integrating region and edge information. Image and Vision Computing, 2001, vol. 19, no.7, pp461-475.
- [56] J. M. Pardo, D. Cabello, J. Heras. A snake for model-based segmentation of biomedical images. Pattern Recognition Letters, 1997, vol. 18, no. 14, pp1529-1538.
- [57] C. Xu, J. L. Prince. Snakes, shapes, and gradient vector flow. IEEE Transactions on Image Processing. 1998, vol. 7, no. 3, pp359-369.
- [58] L. Najman, M. Schmitt. Geodesic Saliency of Watershed Contours and Hierarchical Segmentation. IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1996, vol. 18, no. 12, pp1163-1173.
- [59] A. Bleau, L. J. Leon. Watershed-Based Segmentation and Region Merging. Computer Vision and Image Understanding, 2000, vol. 77, no. 3, pp 317-370.
- [60] R. Lotufo, W. Silva. Minimal Set of Markers For the Watershed Transform. Proceedings of ISMM2002, pp 359-368.
- [61] Y. L. Huang, D. R. Chen. Watershed segmentation for breast tumor in 2-D sonography. Ultrasound in Medicine and Biology 2004, vol. 30, no.5, pp625-632.
- [62] J. B. Kim, H. J. Kim. Multiresolution-based watersheds for efficient image segmentation. Pattern Recognition Letters, 2003, vol. 24, no. 1, pp473-488.
- [63] N. M. Alina, C. Bogdan, G. Moncef. Parallel watershed transformation algorithms for image segmentation. Parallel Computing, 1998, vol. 24, no. 14, pp1981-2001.
- [64] L. Vincent, P. Soille. Watersheds in Digital Spaces: An Efficient Algorithm Based on Immersion Simulation. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence. 1991, vol. 13, no. 6, pp 583-598.
- [65] F. Meyer. An overview of morphological segmentation. International journal of pattern recognition and artificial intelligence, 2001, vol. 15, no. 7, pp1089-1118.

- [66] H. Zhou, N. Shenoy, W. Nicholls. Efficient minimum spanning tree construction without delaunay triangulation. *Information processing Letters*, 2002, vol. 81, no. 5, pp271-276.
- [67] N. Jaroslav, M. Eva, N. Helena. Otakar Boruvka on minimum spanning tree problem Translation of both the 1926 papers, comments, history. *Discrete mathematics*, 2001, vol. 233, no. 1, pp3-36.
- [68] A. Mehnert, P. Jackway. An improved seeded region growing algorithm. *Pattern Recognition Letters*, 1997, vol. 18, no. 10, pp1065-1071.
- [69] S. Suthaharan. Image and edge detail detection algorithm for object-based coding. *Pattern Recognition Letters*, 2000, vol. 21, no. 6-7, 2000, pp549-557.
- [70] H. Tang, E. X. Wu. Q. Y. Ma, et al. MRI brain image segmentation by multi-resolution edge detection and region selection. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 2000, vol. 24, no. 6, pp349-357.
- [71] S.C. Sclove. Application of the conditional population mixture model to image segmentation. *IEEE Transaction on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1983, vol. PAMI-5, pp428-433.
- [72] D. M. Titterington, A. F. M. Smith, U. E. Makov, Statistical analysis of the finite mixture distributions. New York: Wiley, 1985.
- [73] S. S. Gopal, T. J. Hebert. Bayesian pixel classification using spatially variant finite mixtures and the generalized EM Algorithm. *IEEE transaction on image processing*, 1998, vol. 7, no. 7, pp1014-1028.
- [74] 余松煜, 周源华, 吴时光. 数字图象处理, 电子工业出版社, 1989年8月第一版。
- [75] S. Mallat, S. Zhong. Characterization of signals from multiscale edges. *IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence*, 1992, vol. 14, no. 7, pp710-732.
- [76] 杨福生. 小波变换的工程分析与应用, 科学出版社, 1999年2月第一版。
- [77] J. G. Daugman. Two-dimensional spectral analysis of cortical receptive field profiles. *Vision research*, 1980, vol. 20, pp847-856.
- [78] S. Marcelja. Mathematical description of the responses of simple cortical cells. *Journal of the Optical Society of America*, 1980, vol. 70, no. 11, pp1297-1300.
- [79] M. Porat, Y. Y. Zeevi. The generalized gabor scheme of image representation in biological and machine vision. *IEEE transaction on pattern analysis and machine intelligence*, 1988, vol. 10, no. 4, pp452-468.
- [80] M. Porat, Y. Y. Zeevi. Localized texture processing in vision: analysis and synthesis in the gaborian space, *IEEE transaction on biomedical engineering*, 1989, vol. 36, no. 1, pp115-129.
- [81] A. K. Jain, F. Farrokhnia. Unsupervised texture segmentation using Gabor filters. *Pattern Recognition*, 1991, vol. 24, no. 12, pp1167-1186.
- [82] D. Dunn, W. E. Higgins. Optimal Gabor filters for Texture Segmentation. *IEEE Transactions on Image Processing*, 1995, vol. 4, no. 7, pp947-964.
- [83] D. Dunn, W. E. Higgins, J. Wakeley. Texture segmentation using 2-D Gabor elementary functions. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1994, vol. 16, no. 2, pp130-149.
- [84] B. S. Manjunath. *Gabor wavelet transform and application to problems in computer vision*. Proceeding of 26th Asilomar Conference on Signals, Systems and Computers, Pacific Grove, CA, pp. 796-800, Oct 1992.
- [85] O. Nestares, R. Navarro, J. Portilla, et al. Efficient spatial-domain implementation of multiscale image representation based on gabor functions. *Journal of Electronic Imaging*. Vol. 7,

- No. 1, 1998, pp 166-173.
- [86] D. Zhang, A. Wong, M. Indrawan, et al. Content-Based Image Retrieval Using Gabor Texture Features. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 12, no.7, pp629-639, 1990.
- [87] T. S. Lee. Image representation using 2D Gabor wavelets. *IEEE transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 1996, vol. 18, no. 10, pp1-13.
- [88] J. G. Daugman. Uncertainty relation for resolution in space, spatial frequency, and orientation optimized by two-dimensional visual cortical filters. *Journal of the Optical Society of America*, 1985, vol. 2, no. 7, pp1160-1169.
- [89] J. G. Daugman. Complete discrete 2D Gabor transforms by neural networks for image analysis and compression. *IEEE transaction on acoustics, speech, and signal processing*, 1988, vol. 36, no. 7, pp1169-1179.
- [90] J. G. Daugman. Spatial visual channels in the fourier plane. *Vision research*, 1984, vol. 24, no. 9, pp 891-910.
- [91] 崔锦泰。小波分析导论，西安交通大学出版社，1995年1月，第一版。
- [92] 程正兴。小波分析算法与应用，西安交通大学出版社，1998年5月，第一版。
- [93] 李建平。小波分析与信号处理——理论、应用及软件实现，重庆出版社，1997年12月，第一版。
- [94] 崔屹。数字图像处理技术与应用，电子工业出版社，1997年3月，第一版。
- [95] 阮秋琦。数字图像处理学，电子工业出版社，2001年1月，第一版。
- [96] J. R. Movellan. Tutorial on 2-D Gabor Filters. <http://mplab.ucsd.edu/tutorials/tutorials.html>
- [97] 苏玉北，黄天锡，廖孟扬，姚永刚。基于JPEG的医学图象特征提取。中国图象图形学报，1999年，第4卷，第7期，583-589页。
- [98] 金丰华，秦磊，汪蕙，罗立民。几何矩不变量在基于内容医学图像检索中的应用。山东生物医学工程，2002年，第21卷，第2期，7-10页。
- [99] 汪蕙，金丰华，罗立民。基于灰度和边界方向直方图的医学图像检索。信号处理，2004年，第20卷，第1期，73-77页。
- [100] 金海东，崔志明。面向对象的医学图像数据模型(OOMI)的研究。微机发展，2002年，第2期，1-3页。
- [101] 何楚，王思贤，廖孟扬。基于内容的图像搜索的算法模型与分布式，小型微型计算机系统，2002年，第23卷，第5期，544-547页。
- [102] 何楚，李吉星，廖孟扬。基于小波多尺度边缘的图像归档和查询。计算机应用，2003年，第23卷，第12期，88-90页。
- [103] 罗莹，李晴。医学图像在临床中的应用及医学图像数据库的检索技术，中国电视学与图像分析，2002年，第7卷，第3期，175-177页。
- [104] 邵虹，张继武，崔文成，赵宏。一种基于形状特征的颅骨图像检索方法，计算机工程，2003年，第29卷，第8期，1-4页。
- [105] 邵虹，崔文成，赵宏。基于内容的图像检索技术研究，小型微型计算机系统，2003年，第24卷，第10期，1845-1848页。
- [106] Shunshan Li, Tiange Zhuang, Hui Chen. Medical image retrieval based on mutual correlation method. *SPIE*, Feb. 2001, San Diego, Vol.4323.
- [107] Shunshan Li, Tiange Zhuang, Hui Chen. Medical image retrieval based on gray histogram and correlation. *IEEE-EMBS Asia-Pacific Congress on Biomedical Engineering*, 2000, p322-323.
- [108] 李顺山，庄天戈。基于灰度直方图和互相关方法的医学图像检索。上海交通大学学



报, 2001年, 第35卷, 第5期, 694-698页。

[109] 赵晨光, 庄天戈。基于内容的医学图像检索。国外医学生物医学工程分册, 2004年, 第27卷, 第2期, 83-86页。

[110] 赵晨光, 庄天戈, “基于内容的检索在肝脏CT图像数据库中的应用研究”, 2003中国生物医学电子学学术年会 (CBME' 03), 无锡, 2003年10月, 112-113页

[111] Chenguang Zhao, Hongyan Cheng, Tiange Zhuang, “Hepatic CT Image Query Using Gabor Features”, Chinese Optics Letters, 2004, vol. 2, no.7, pp383-385.

[112] C. Pavlopoulou, A Kak and C. Brodley. An interactive framework for boundary delineation for medical CBIR. Proceedings IEEE Workshop on Content-Based Access of Image and Video Libraries (CBAIVL 2001), 2001, pp9-16.

## 攻读学位期间发表或录用的学术论文

### 会议论文

1. Chenguang Zhao, Tiange Zhuang, "Pseudo-Optical Flow Estimation for Medical Image Sequence", 5<sup>th</sup> IFAC Symposium – Modeling and Control in Biomedical Systems. Melbourne, Australia, August 2003, pp77-80.
2. 赵晨光, 庄天戈, "基于内容的检索在肝脏 CT 图像数据库中的应用研究", 2003 中国生物医学电子学学术年会 (CBME' 03), 无锡, 2003 年 10 月, pp.112-113.

### 期刊论文

1. 赵晨光, 庄天戈, "基于内容的医学图像检索", 国外医学生物医学工程分册, 2004, 27 (2), pp.83-86。
2. 赵晨光, 宋利伟, 庄天戈, "基于分水岭区域差异性的多级图像分割", 上海交通大学学报, 2004, 38 (9), pp.1489-1491。
3. Chenguang Zhao, Hongyan Cheng, Tiange Zhuang, "Hepatic CT Image Query Using Gabor Features", Chinese Optics Letters, 2004, vol. 2, no.7, pp383-385. (此文已被 EI 收录, 编号: 04418404574).
4. Chenguang Zhao, Tiange Zhuang, "A hybrid boundary detection algorithm based on watershed and snake", Pattern Recognition Letters, Accepted, will appear soon.
5. 赵晨光, 庄天戈, "一种基于多分辨率 Gabor 纹理特征的肝脏 CT 图像检索方法", 上海交通大学学报, 审理中。
6. Chenguang Zhao, Tiange Zhuang, "An elastic particle mesh model and its application in image segmentation", Journal of Shanghai University, 已投修改稿。

## 致 谢

首先感谢我的导师庄天戈先生，在他的指导下我完成了这篇博士学位论文。但这不是最重要的，庄先生正直的为人，认真的教学态度，精益求精的科研作风将使我以及所有和他一起工作过的年轻人终生受益。

衷心感谢上海东方肝胆医院影像科的程红岩主任和裘美娟技师，他们在百忙中安排我采集了本文所用的实验数据，并帮助我对图像进行了归类整理。没有他们的支持，本文的工作将无法展开。

非常感谢来自上海第二医科大学的章鲁教授、上海大学的严壮志教授、上海交大的施鹏飞教授、戚飞虎教授和胡钧教授，他们仔细阅读了本文的初稿并在预答辩会上提出了宝贵的修改意见。我深深地钦佩他们敏锐的学术洞察力，他们所提的建议都恰恰涉及我需要深思和进一步完善的内容。

在交大学习的三年多时间里，生命科学技术学院和生物医学工程系的老师给我的学习和生活提供了诸多帮助，他们是学院的江以萍老师、付和平老师、吕忆松老师、骆佩琦老师、霍玉兰老师，生物医学工程系的王一抗老师、徐勇江老师、柴新禹老师、赵俊老师、冯坚老师。在此向他们表示深深的感谢。

感谢本实验室的兄弟姐妹们。他们是博士生陈旭、秦斌杰、李斌、徐昊、杨明星、严加勇、郭小涛、宋朝昀、陈俊、罗永兴，硕士生黄志聪、郑雷、申羽、李玟、李楠、王鑫、郑磊斌、陆东莹、蒋历军、赵静、彭燕、张静、秦翊麟、张伟。他们年轻、聪明、活泼、善良、博学、上进，与他们一起工作和学习让我的生活充满欢乐。

感谢我的室友何培忠和刘书朋，在科研历程中大家相互鼓励，一起度过单调但又充实的每一天。

最后，感谢我的精神支持和动力之源：我的父母和兄弟。

赵晨光

2004 年 12 月