

基于先验信息遗传算法的图像分割

景妮琴

(北京电子科技职业学院, 北京 100176)

摘要: 医学图像分割通常由医生根据器官位置、形状等先验信息从图像中手动圈出疑似的肿瘤区域, 以便用于确定治疗计划与诊断。手动分割的方法存在主观差异性与分割的不一致性, 可能造成疾病诊断的误判, 延误治疗时机。由于器官间对比度较弱, 且不存在明确的分割界限, 自动医学图像分割应用于疾病诊断还具有很大的挑战。本文在遗传算法的基础上, 结合已知形状、区域属性和目标位置等先验信息, 提出了一种新颖有效的自动医学图像分割算法。为了验证提出算法的有效性, 在盆腔 CT 图像上应用该算法进行前列腺癌的分割。实验结果分析表明, 文中提出的算法可以清楚地区分出目标器官的边界, 准确地分割出前列腺区域, 对模糊的图像也有较好的检测分割效果, 适合用于肿瘤的自动分割。

关键词: 自动分割; 遗传算法; 区域属性; 形状模型; 前列腺癌

中图分类号: TP391; R33 **文献标识码:** A

Medical image segmentation based on genetic algorithm with prior information

JING Ni-qin

(Beijing Polytechnic, Beijing 100176, China)

Abstract: Medical image segmentation is usually performed by doctors to manually identify the tumor region from the image based on prior information such as organ position and shape, so as to determine the treatment planning and diagnosis. The manual segmentation has the inconsistency with subjective difference, which may lead to the misjudgment of disease diagnosis and delay the timing of treatment. Because the contrast between organs is weak, automatic medical image segmentation has great challenges for disease diagnosis. In this paper, a novel and effective automatic medical image segmentation algorithm based on the prior knowledge of known shape, region attribute and target position is proposed. In order to verify the effectiveness of the algorithm proposed in the pelvic CT images, the experimental results show that the proposed algorithm in the paper can clearly distinguish the boundary of target organs, segment the prostate region accurately, and has good detection and segmentation effect on fuzzy image, which is suitable for automatic segmentation.

Key words: automatic segmentation; genetic algorithm; region attribute; shape model; prostate cancer

在 CT 图像、MRI 图像和超声图像等医学图像中, 器官体积、病灶轮廓等信息的判断是非常主观的。肿瘤器官边缘定义的不确定性和个体之间差异性导致对患者采取不大恰当的治疗^[1]。因此, 自动化分割工具的开发是必要的, 但就目前发展情况而言仍然存在很大的挑战, 主要是由于医学图像上器

官组织形状和对比度的差异性。尽管放射治疗计划 (RTP) 在成像方面取得长足进展, 大多数医学图像分割算法还是需要某种形式的人为干预才能得到令

收稿日期: 2016-12-07

作者简介: 景妮琴 (1979-), 女, 硕士, 研究方向为图像信号处理、传感器应用, 应用电子技术。

人满意地分割效果^[2-4]。这些分割算法并没有采用人类解剖学的先验信息以及用来手动地分割图像的已知形状、器官的相对位置和纹理的相关信息。本文提出了一种新颖的遗传算法,用于合并形状、纹理和器官的相对位置的已知先验,以便执行自动分割。遗传算法(GA)^[5-6]使用选择,交叉和变异来模拟生物进化的学习过程,它是一种盲目优化技术,不需要导数来探索空间,而是使用称为适应度的收益值来指导搜索。这种质量可以使得遗传算法比其他局部搜索程序(例如用于组合优化的梯度下降算法或贪婪算法)更鲁棒^[7]。GA已被用于各种图像处理应用,例如边缘检测^[8],图像分割^[9],图像压缩^[10-11],从遥感图像的特征提取以及医学特征提取。本文主要利用遗传算法对医学图像进行分割,描绘图像上的感兴趣区域。

水平集方法被广泛应用于医学图像分割领域,因为它们能够描述随时间变化的目标边界^[12]。水平集算法可变形分割曲线与能量函数相关。能量函数可以由基于区域的正则项(例如像素、强度值、边缘等)和基于轮廓的正则项(例如曲线的曲率和长度)组成。本文使用遗传算法来提升水平集曲线进化以便对图像分割。遗传算法用隐式适应度函数替代由水平集曲线进化使用的显式能量函数项,因此其使纹理、相对位置和形状信息与演化曲线间接相关。可以看出,该方法把高级特征等先验信息融入到遗传算法中,建立了一个统一分割框架。本文提出的算法以水平集的遗传算法为基本框架,通过引入待分割器官之间的空间关系,提出一种新颖有效的自动医学图像分割算法。GA的个体是水平集函数的参数向量,通过在水平集函数中引入无导数优化,诸如形状、纹理等先验信息被整合到水平集的遗传算法框架中。这允许将几个能量项引入到水平集轮廓表示中,而不增加与常规曲线进化算法中导数计算相关的计算复杂性。

图1显示了来自患有前列腺癌并接受放射治疗的患者盆腔CT扫描图像。前列腺中的肿瘤轮廓由医生手动执行以识别治疗位置并确定辐射剂量,如图1中的白色轮廓线所示。前列腺位于膀胱和直肠之间,由于膀胱和直肠在图像上纹理更加突出,放射科医师使用这些器官的位置来近似描绘这些图像上的前列腺。因此,自动化分割前列腺涉及利用盆腔中多个器官的形状、纹理和相对位置的现有知识。将多个先验信息融入到遗传算法中进行分割是本文的主要贡献。通过结合水平集函数的无导数优化,提出了一种用于组合多个特征进行分割的遗传算法框架。

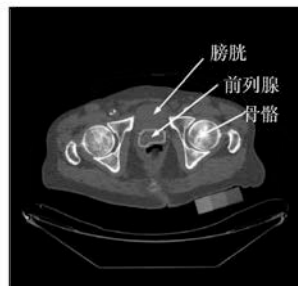


图1 骨盆CT图像中手动分割前列腺(白色轮廓线所示)

1 主动轮廓模型

主动轮廓模型是以能量函数最小化驱动轮廓变形。Leventon等人将统计形状先验引入到活动轮廓模型中,获取形状的最大后验估计。Tsai等人使用训练图像集合中的局部区域上定义的统计来导出基于形状的水平集函数,该方法可用于图像的自动分割结果和心脏和盆腔MRI图像的半自动分割。Chan等人引入基于分段常数Mumford-Shah模型的区域能量函数用来检测分割区域的扩散边界,其曲线演化能量函数如下:

$$F(c_1, c_2, C) = \mu \cdot \text{length}(C) + \nu \cdot \text{Area}(\text{inside}(C)) + \lambda_1 \int_{\text{inside}(C)} |\mu_0(x, y) - c_1|^2 dx dy + \lambda_2 \int_{\text{outside}(C)} |\mu_0(x, y) - c_2|^2 dx dy \quad (1)$$

其中, C 是进化轮廓, u_0 是像素强度值, c_1 和 c_2 是分割区域内外轮廓的像素强度平均值, $u \geq 0, \nu \geq 0, \lambda_1, \lambda_2 \geq 0$ 是正则参数。该算法与主动轮廓方法是本文所提方法的对比方法。

进化计算类算法如遗传算法对于医学图像分析是有用的,因为它们可以模拟医学图像对比度差,边界不明确导致的固有不确定性。遗传算法使用适者生存的原理来模拟生物进化的过程。随机并行搜索以达到最优解,因此不太可能在局部最大值处停滞,利用选择,交叉和变异的重复过程,直到后代产生可接受的适合度值。

2 本文提出的算法

本文主要研究利用遗传算法进化出水平集函数的参数。Cagnoni等人提出了一种通过遗传算法演变参数进行交互式图像分割的Snake模型,利用能量函数曲线的平滑度,曲率和图像梯度等特征获取最优进化效果。可以看出,此类算法使用形状的显式表示,而文中方法使用基于水平集的形状的隐式表示,允许包含纹理和空间信息用于搜索参数空间的关系特征。

本文提出的遗传算法包括两个阶段:训练阶段和分割阶段。在训练阶段,手动对待分割器官进行

分割,获取形状、纹理和相对位置信息等目标特征,其中训练轮廓提供关于形状和位置的信息,相关图像处理算法可以导出对象的纹理特性。在分割阶段,遗传算法使用合适的度量方法评估候选分割轮廓,通过迭代收敛,直到满足停止条件。

2.1 形状模型

形状参数是从训练集中所有手工绘制的轮廓的均值计算。在计算训练数据形状特征之前需要对图像进行校正,然后将手工绘制的轮廓转换为有符号距离函数 ψ_i ,其中带符号的距离表示可以很容易地利用矩阵变换求出形状参数。水平集函数定义为形状参数在距离域的线性组合。其中平均形状定义为:

$$\bar{\Phi} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \psi_i \quad (2)$$

平均偏移函数的列依次堆叠在一起,以形成一个大列向量 S_i ,然后可以获得形状变化矩阵 $S = [s_1, s_2, \dots, s_n]$,最后通过对该矩阵的特征值分解来计算形状的方差, $\frac{1}{n}SS^T = U \sum U^T$ 其中 U 是 $N \times n$ 矩阵,其列表示形状变化的 n 个正交模, Σ 是对角矩阵的特征值。通过一些的转换与计算,使用平均形状等的形状参数来定义水平集函数如下所示:

$$\Phi[w] = \bar{\Phi} + \sum_{j=1}^k w_j \Phi_j \quad (3)$$

其中, w 是用于线性组合 k 个主特征形状的权重。通过将形状参数合并到此水平集框架,获得一个新的水平集函数,可以处理不同大小的目标形状方向。本文提出的遗传算法是利用基于像素的纹理特征和分割区域的空间关系的组合,优化水平集函数使用的 w (用于组合特征形状的权重)和形状参数。

2.2 纹理特征提取

纹理特征先验是使用Gabor小波变换方法从训练图像提取。Gabor小波是唯一的,因为它们实现最大联合空间-频率分辨率,从而表征粗糙和精细的特征,这个属性使其成为纹理特征分割的理想选择。

对于任一给定图像 $I(x, y)$,其对应的Gabor小波变换如下所示:

$$W_{mn}(x, y) = \int I(x_1, y_1) h_{mn}^*(x - x_1, y - y_1) dx_1 dy_1 \quad (4)$$

2.3 空间关系

文献[12]提出的模糊区域方法引入到遗传算法中,表示空间图像上目标之间的关系。在该方法中,先从参考图开始创建模糊距离和方向图。在模糊图上,具有较高灰度值的区域是具有较高模糊性的区域,表示相对于参考对象的更大可能性的隶属

度值。使用在空间上的梯形形状的模糊间隔 f 来定义诸如near和far的模糊距离关系。图像空间的模糊子集被定义为:

$$\mu_a(P) = g(\beta(P, Q), g(\theta)) = \max[0, 1 - (2/\pi)\theta] \quad (5)$$

其中, P 是图像中任一点, Q 是目标质心, g 是将角度 $[0, \pi]$ 的范围映射到 $[0, 1]$ 的递减函数。图2显示了模糊距离和角度图从顶部的参考对象到底部的目标对象之间的描述过程。对于多个引用对象和一个分割对象(例如膀胱和直肠和前列腺),计算模糊距离和方向图的交集可计算出最终的模糊图。

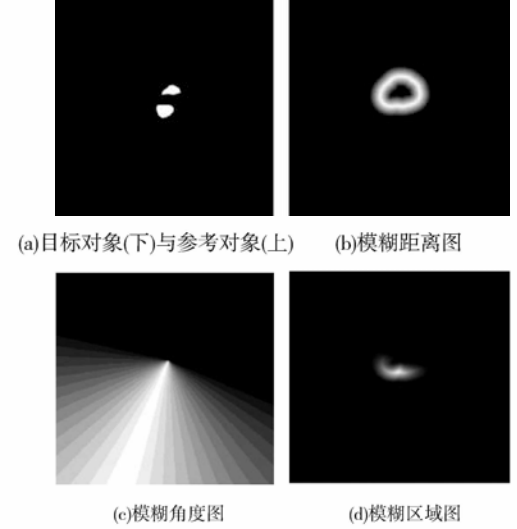


图2 过程图

2.4 分割过程

利用目标附近的区域信息,选择出包围目标的最佳轮廓作为最终分割结果。遗传算法种群中的每个个体被定义为具有实值基因的固定长度染色体,其表达形式如下:

$$\text{Individual} = [w_1, w_2, w_3, w, a, b, h, \theta] \quad (6)$$

四个权重参数用于计算平均形状的加权的 $\pm \sigma 1$ 和 $\pm \sigma 2$ 变化。群体中的每个个体表示唯一的分割轮廓。感兴趣区域由灰度图像 P 给出,灰度图像 P 是测试图像上的二进制纹理分割和从训练图像(RL)导出的模糊相对位置图的点积。因此,纹理分割中的每个像素通过其相对于前列腺的位置的模糊隶属度值来加权。

$$P = B \cdot RL \quad (7)$$

通过将分割轮廓放置在测试图像上并将轮廓内的所有像素分类为真并且将所有其他像素分类为假来获得二值图像($B1$)。较高的适合度分数表明轮廓内部(外部)的更多像素属于期望的(其他)纹理类型,并且还满足从训练数据导出的空间关系。适

应度是检测率(D)和误报率(F)的函数:

$$\text{Fitness} = 500(D + (1 - F)) \quad (8)$$

检测率定义为分割轮廓 $B1$ 内的 P 中的像素的平均值。虚警率表示位于 $B1$ 的分割轮廓之外的 P 中的像素的平均值。检测率和误报率由 P 中与 $B1$ 中的分割轮廓匹配的像素值的平均值确定。乘法因子 500 将适应度范围从 $[0, 2]$ 调整到 $[0, 1000]$, 使得可以报告最多三个有效数字的适合度值。遗传算法的过程: 选择, 交叉和突变, 通过迭代直到创建具有高适合度值的个体或者已经达到指定次数。

3 前列腺图像分割

前列腺是位于膀胱下方和直肠前部的男性生殖器官, 大约 3cm 长。杏仁形的前列腺可以随外因而变形, 并且其大小在患者之间也有很大的差异, 使得自动分割成为具有挑战性的问题。

骨盆图像来自正在接受前列腺癌治疗的患者的 CT 和 MRI, 其中 15 名患者骨盆图像的前列腺, 膀胱和直肠由手动分割用作训练数据, 其他 5 名患者的图像用作测试图像。

4 实验结果与分析

①预处理: MATLAB 软件中的 `imadjust` 函数对 CT 图像进行均衡化以改善软组织区域的对比度, 然后采样均值滤波器滤除条纹伪像等干扰信息; 接下来将使用纹理, 形状和相对位置等先验信息用于分割 CT 图像。

②二维分割: 训练图像中获得的前列腺平均形状如图 3 所示, 并使用上一节中描述的方法从训练图像获取模糊相对位置, 其中以膀胱和直肠用作参考对象, 前列腺作为待分割目标对象。模糊图是从使用膀胱和直肠作为参考对象的所有训练图像提取的, 如图 4 所示。在测试图像按所提的算法分割出前列腺、直肠、膀胱和背景区域, 如图 5 所示。该步骤可以减少遗传算法的搜索空间, 并利用以上纹理信息和模糊信息对测试图像进行分割并获取最终分割轮廓。

③评价标准: 为了评估算法的性能, 本文算法的分割结果与基准值(手动分割)之间的相似系数被定义作为评价指标。相似系数表明了两个分割结果之间的重叠程度, 其表达式如下:

$$DSC(A, B) = \frac{2|A \cap B|}{(|A| + |B|)}$$

其中 A 是本算法的分割轮廓, B 是手动分割出的基准轮廓。若相似系数等于 1 表明完美的分割, 若等于 0 则表明分割不成功。基准分割轮廓是多个手动分割结果的平均。

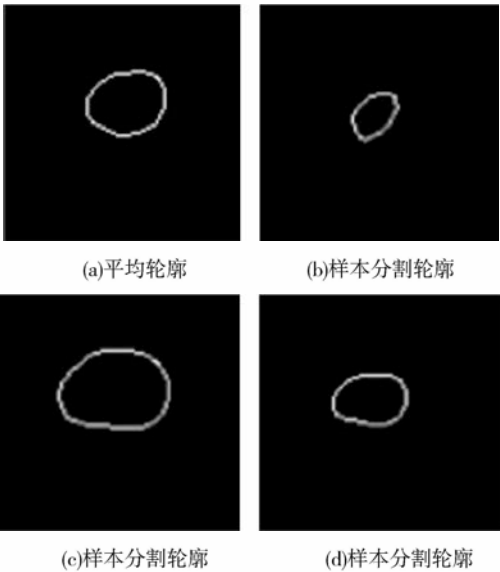


图 3 训练图像中获得的前列腺平均形状示意图

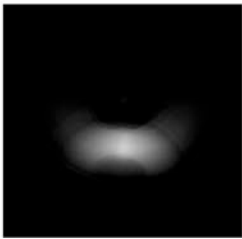
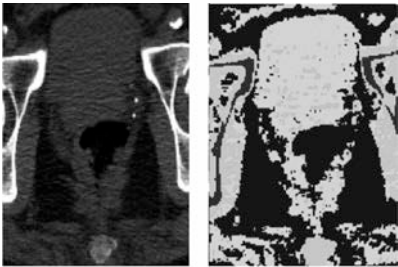


图 4 膀胱和直肠之间的模糊区域图

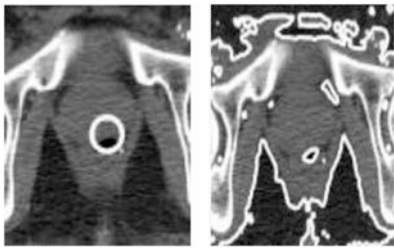


(a)CT图 (b)最终分割图基于纹理信息和模糊信息

图 5 示意图

5 结果与讨论

为了将文中的方法与主动轮廓方法进行比较, 使用 Chan 等人的算法来分割测试数据。将初始轮廓放置在每个测试图像的中心(如图 6(a)所示)。图 6(b)展示出算法对 CT 图像的分割结果。由于算法被设计为寻找轮廓内外具有不同像素强度值的区域, 并且它不使用先前已知的形状来限制演变轮廓。可以看出, 算法找到区域之间的边界明显不同的像素强度值, 得到了预期结果。类似地, Gabor 小波变换的纹理分割结果显示前列腺区域外(在膀胱和围绕前列腺的软组织区域)的像素被标记属于前列腺区域, 因为该方法本身只能区分高对比度的区域。



(a)初始分割轮廓 (b)Chan等人的分割结果

图6 分割结果对比图

图7展示了文中的算法在CT图像上的2D分割结果,用白色轮廓表示,灰色轮廓描绘了由医生/医疗人员执行的手动分割。

医学专家认为利用本文提出的分割算法得到结果非常满意,从图示可以看出,该方法能够稳定准确地自动定位并分割出前列腺。通过对分割轮廓的相似系数值定量分析可知,该算法也具有较高的精度。

使用遗传算法而不是传统的梯度下降法提供了以下优点:

①灵活性:遗传算法主要通过优化隐式,适应度函数而不是明确的能量函数项,这使得该算法能够灵活地利用多种信息对图像进行分割而不需要修改适应度函数。

②泛化性:相比于其他传统的优化方法,遗传算法可推广到更大的特征集以解决其他分割问题。

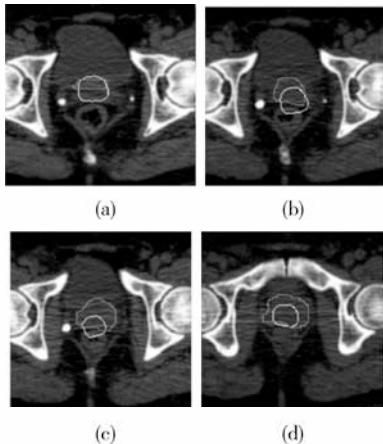


图7 CT图像上的前列腺分割结果

(白色是分割结果;灰色是手动分割结果)

6 结束语

本文提出的算法利用水平集函数的无导数优化,指导医学图像自动分割。将遗传算法的候选解作为分割轮廓并使用适应度函数评估其性能消除了对定义能量函数的开销并简化了图像分割所需的优化过程。同时,本文提出的框架能够结合不同种类

的先验信息以便找出最优分割曲线。将空间关系引入本算法使得搜索空间缩小到膀胱和直肠之间的区域,加快搜索速度,并提高分割精度。分割结果表明该算法对骨盆CT图像中前列腺肿瘤自动分割可以得到令人满意的结果。

参考文献:

- [1] Ghosh P, Mitchell M, Gold J. LSGA: Combining level-sets and genetic algorithms for segmentation[J]. *Evolutionary Intelligence*, 2010 (3): 1-11.
- [2] He L, Peng Z, Everding B, et al. A comparative study of deformable contour methods on medical image segmentation[J]. *Image and Vision Computing*, 2008, 26(2): 141-163.
- [3] Mahr A, Levegrun S, Bahner M L, et al. Usability of semiautomatic segmentation algorithms for tumor volume determination[J]. *Invest. Radiol.*, 1999(34): 143-150.
- [4] McInerney T, Terzopoulos D. Deformable models in medical image analysis: A survey[J]. *Medical image analysis*, 2016, 1(2): 91-108.
- [5] Holland J H. *Adaptation in Natural and Artificial Systems* [M]. Ann Arbor, MI, University of Michigan Press, 2015.
- [6] Mitchell M. *An introduction to genetic algorithms* [M]. Cambridge, MA: MIT Press, 2006.
- [7] Goldberg D E. *Genetic Algorithms in Search, Optimization and Machine Learning* [M]. Reading, MA: 1st Addison-Wesley Longman Publishing Co Inc, 2009.
- [8] Harris C, Buxton B. *Evolving edge detectors* [M]. Research Note RN/96/3, University College, Dept. of Computer Science, London, 2006.
- [9] Harvey N, Levenson R M, Rimm D L. Investigation of automated feature extraction techniques for applications in cancer detection from multi-spectral histopathology images[J]. *Proc of SPIE*, 2013: 5032, 557-566.
- [10] Nordin P, Banzhaf W. *Programmatic compression of images and sound* [C]. Koza, J. R. et al. (Eds.), *Proceedings of the 1st Annual Conference on Genetic Programming*. Morgan Kaufmann, San Francisco, CA, 2006.
- [11] Harvey N, et al. Comparison of GENIE and conventional supervised classifiers for multispectral image feature extraction [J]. *IEEE Transactions on Geoscience and Remote Sensing*, 2012, 40(2): 393-404.
- [12] Sethian J A. *Level set methods and fast marching methods* [M]. New York, NY: Cambridge University Press, 2009.
- [13] Tsai A, Yezzi W, Wells C, et al. A shape-based approach to the segmentation of medical imagery using level sets [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2013, 22: 137-154.
- [14] Chan T, Vese L. Active contours without edges[J]. *IEEE Trans. on Image Proc.*, 2011(10): 266-277.
- [15] 何萍, 徐晓华, 陆林, 等. 双层随机游走半监督类[J]. *软件学报*, 2014, 25(5): 997-1013.
- [16] 郭新辰, 樊秀玲, 郝仙田, 等. 改进的FCM半监督聚类算法[J]. *吉林大学学报: 理学版*, 2014, 5(6): 1293-1296.
- [17] 陈新泉, 苏锦钊. 基于半监督学习的K平均聚类框架[J]. *广西大学学报: 自然科学版*, 2014, 39(5): 1074-1082.
- [18] 常瑜, 梁吉业, 高嘉伟, 等. 一种基于Seeds集和成对约束的半监督聚类算法[J]. *南京大学学报: 自然科学版*, 2012, 48(4): 405-411.

责任编辑: 么丽苹