

# 基于改进自生成神经网络的肺部 CT 序列图像分割

廖晓磊 赵涓涓

(太原理工大学计算机科学与技术学院 晋中 030600)

**摘 要** 针对肺实质序列图像分割方法的时效性低和分割不完全性等问题,利用先验知识得到肺部 CT 序列 ROI 图像,提出超像素序列分割算法对 ROI 序列图像进行分割,采用改进的自生成神经网络对超像素进行聚类并优化,根据聚类后样本的灰度和位置特征识别肺实质区域。在序列肺实质图像的分割结果中,单张 CT 图像的平均处理时间为 0.61s,同时能达到  $92.09 \pm 1.52\%$  的平均肺部像素重合度。与已有的方法相比,所提算法能在相对较短的时间内获得较高的分割精度。

**关键词** 序列肺分割,ROI 序列,超像素,SGNN

中图法分类号 TP391

文献标识码 A

DOI 10.11896/j.issn.1002-137X.2017.08.051

## Segmentation of Lung CT Image Sequences Based on Improved Self-generating Neural Networks

LIAO Xiao-lei ZHAO Juan-juan

(College of Computer Science and Technology, Taiyuan University of Technology, Jinzhong 030600, China)

**Abstract** Existing lung segmentation methods cannot fully segment all lung parenchyma images and have slow processing speed. The position of the lung was used to obtain lung ROI sequences, and an algorithm of superpixel sequences segmentation was then proposed to segment the ROI image sequences. In addition, improved self-generating neural networks were utilized for superpixel clustering and the grey and geometric features were extracted to identify and segment lung image sequences. The experimental results show that our method's average processing time is 0.61 second for a single slice and it can achieve average volume pixel overlap ratio of  $92.09 \pm 1.52\%$ . Compared with the existing methods, our method has higher segmentation precision and accuracy with less time.

**Keywords** Lung sequences segmentation, ROI sequences, Superpixels, SGNN

肺癌是当今世界发病率和死亡率最高的恶性肿瘤疾病<sup>[1]</sup>,CT 技术对人体病灶具有良好的密度分辨能力,是目前肺癌早期诊断中最有效、最直接的影像学方式。随着临床对病人病灶区域成像精度的要求的不断提高,CT 扫描厚度不断减小,必然会导致 CT 影像数据呈爆炸式增长<sup>[2]</sup>,从而造成 CT 图像处理速度慢、效率低等问题<sup>[3]</sup>。另外,在一个人的肺部 CT 序列图像中,从肺顶部到肺底部的 CT 图像的形态结构也存在较大的差别,一般的分割方法很难对肺部整个序列 CT 图像都有较好的分割效果。因此,如何能够在不降低精度要求的前提下快速、高效、精确地分割出序列肺实质图像,对后续肺部病灶三维重建和诊断都具有重大意义。

在肺部病灶的计算机辅助诊断(CAD)系统中,肺实质分割通常是一个预处理的步骤。近年来,大量的学者对肺实质图像的分割方法进行了研究。曹蕾等人<sup>[4]</sup>通过使用灰度阈值迭代的方法能够全自动地选取种子点进行区域增长并提取序列 CT 图像中每一张肺实质图像,但是该方法对背景噪声很敏感。Mansoor A 等人<sup>[5]</sup>采用一种基于局部特征描述的区域分割算法,利用模糊连通性(FC)初步提取肺实质图像,使用

最优关键点分析法来优化并分割肺实质图像,该算法对肺中部图像具有较好的处理效果,而对肺底部和肺顶部图像的处理效果一般。Shojaii R 等人<sup>[6]</sup>利用小波变换理论对 CT 序列中的每一张图像进行图像分解,接着提取肺部图像中的高频部分来近似地作为肺实质的边界,再利用形态学分析的处理方法来获得较好地肺实质轮廓,该方法能够较好地处理形态不规则的肺实质图像。Qiang Y 等人<sup>[7]</sup>使用了一种改进的主动轮廓模型算法,先用阈值和区域增长相结合的分割方法进行肺实质图像粗分割再通过配准和模板匹配获得精确的肺实质图像轮廓,该方法虽然具有较好的分割效果,但同时也很耗时。

肺部 CT 图像是序列图像,在已有肺实质分割方法的研究中,大部分针对序列 CT 图像中的单幅图像进行分割处理,忽略了前后图像之间的相关性,也有一部分学者研究了序列图像分割方法,但是其处理时间长、效率不高。本文利用人体肺部 CT 图像中肺实质图像位置的特殊性,充分考虑序列 CT 图像相邻切片之间的高相关性,提出了一种基于超像素和改进自生成神经网络聚类的序列肺实质图像分割方法,并将本文方法所得结果与几种已有的分割方法的分割结果进行

收稿日期:2016-07-25 返修日期:2016-10-08 本文受国家自然科学基金项目(61540007,61373100),国家重点实验室开放基金资助项目(BUAA-VR-15KF02,BUAA-VR-16KF13)资助。

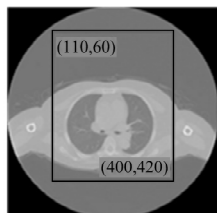
廖晓磊(1992—),男,硕士生,主要研究方向为医学图像处理等,E-mail:1258196475@qq.com;赵涓涓(1975—),女,博士,教授,主要研究方向为医学图像处理和虚拟现实等。

了性能分析对比,探讨了本文方法在肺实质序列图像分割中的应用优势。

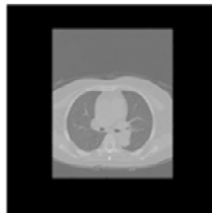
## 1 超像素序列分割

### 1.1 ROI 序列提取

人体肺部图像在一张肺部 CT 图像中所占的范围比较固定,左右肺相对于人体胸腔分布也较稳定,具有位置相对不变性,因此本文提出了序列图像感兴趣区域(ROI)的提取方法。利用统计学方法,并结合医生的经验,对超过 4000 张肺部 CT 图像进行统计分析发现,在提取肺部 CT 序列图像 ROI 时,取图像左上角坐标(110,60)、右下角坐标(400,420)对应的矩形能包含所有的肺区域,提取 ROI 的过程如图 1 所示。提取 ROI 主要有两个优点:1)只对感兴趣区域进行操作,可以加快图像分割速度;2)消除部分背景噪声的干扰。



(a) 原始 CT 图像



(b) ROI 提取结果

图 1 ROI 提取

### 1.2 超像素序列分割

超像素的概念是由 Ren 等<sup>[8]</sup>于 2003 年提出。超像素是一系列具有相似特征(颜色、亮度、纹理等)的相邻像素点组成的集合,一幅图像就是由一定数目的集合构成的,集合内的像素的特征具有一致性,这些小区域能够保留原始图像的边界信息,而且具有多个像素的统计信息,因此相比于单个像素,超像素含有丰富的特征信息,能够大大降低后续图像的处理复杂度,显著提高图像的分割速度。

传统的超像素分割方法是一种简单线性迭代聚类算法,许多学者都对该算法进行了改进并应用于图像分割领域。本文也对其进行了改进,提出了一种基于梯度下降的序列迭代聚类算法,以生成序列图像的超像素集合。

在选取初始聚类中心时,改进的算法通过采用梯度下降的思想可以有效地避免边缘点被选取为种子点,另外该方法还充分考虑了序列 CT 图像的前后序列的相关性以及传递前后序列中种子点的坐标信息,可以显著提高序列图像的分割速度和分割效果,改进的超像素分割算法如下所示。

#### 算法 1 超像素序列分割算法

输入:肺部 ROI 序列图像

输出:超像素样本集

1. 采用网格采样初始化  $k$  个聚类中心  $C_k = [L_k, a_k, b_k, x_k, y_k, z_k]^T$
2. 选用  $3 \times 3$  大小的核窗寻找梯度最小的像素点作为聚类中心

3. 在第  $z_k$  幅图像的  $k$  个聚类中心  $C_k$  周围  $2S \times 2S$  的区域内,搜索与  $C_k$  最相似的像素聚为  $k$  类,得到  $k$  个超像素
4. 计算  $k$  个超像素中所有像素点的平均向量值,更新聚类中心
5. 重复步骤 3、步骤 4 直到算法收敛
6. 保存聚类中心  $C_k$ ,并传递给下一张图像  $z_{k+1}$
7. 重复步骤 2—步骤 6 直到所有图像分割完成,输出超像素样本集

算法通过使用 Lab 色彩空间中的  $L, a, b$  三维颜色信息、像素点的坐标以及图像序列号构成一个六维特征向量  $[l, a, b, x, y, z]^T$  来表达肺部序列图像中的每个像素点,计算两个像素的特征向量间的欧氏距离来衡量像素之间的相似性,通过此聚类算法将图像中具有相似特征的像素点聚成一类,即可形成一个超像素。在改进的算法中,为了避免所选的聚类中心是边缘和噪声点,选用一个  $3 \times 3$  大小的核窗寻找梯度最小的点作为聚类中心,像素点的梯度为:

$$G(x, y) = [V(x+1, y) - V(x-1, y)]^2 + [V(x, y+1) - V(x, y-1)]^2 \quad (1)$$

首先计算像素与聚类中心之间的颜色特征距离  $D_{lab}$  和空间位置特征距离  $D_{xy}$ ,再根据权值叠加公式来计算同一张 CT 图像中两个像素点之间的相似度  $D_s$ ,如式(2)~式(4)所示。

$$D_{lab} = \sqrt{(l_j - l_i)^2 + (a_j - a_i)^2 + (b_j - b_i)^2} \quad (2)$$

$$D_{xy} = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2} \quad (3)$$

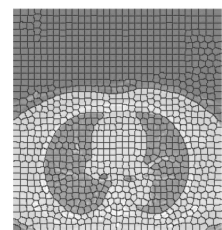
$$D_s = \frac{D_{lab} + \delta D_{xy}}{\sqrt{1 + \delta^2}} \quad (4)$$

其中,  $i$  是超像素的聚类中心;  $j$  是搜索区域内的某一像素点;  $\delta$  是相似度的调节参数,取值范围为  $0 \sim 20$ ,本文实验设置其为 10。

另外,改进的算法还考虑了序列 CT 图像的前后序列的相关性以及传递前后序列图像的聚类中心坐标信息,可以减少超像素中的迭代计算次数,进而减少分割时间。由于生成的超像素块中像素特征具有一致性,本文也采用六维特征向量  $[l, a, b, x, y, z]^T$  来表达每个超像素,特征分量为超像素块中所有像素特征的均值。ROI 图像超像素分割结果如图 2 所示。



(a) ROI 图像



(b) ROI 超像素分割结果

图 2 超像素分割

## 2 改进的自生成神经网络

### 2.1 自生成神经树

自生成神经树 SGNT (Self-Generating Neural Tree) 是基于自生成神经网络 SGNN (Self-Generating Neural Networks)<sup>[9]</sup>采用竞争学习机制对样本进行无监督学习而生成的,整个结构包括神经元与神经元之间的联系和权值,具有较好的适应性,可以有效解决样本的聚类问题。

SGNT 是一个有序对  $\| \{n_j\}, \{l_k\} \|$ , 其中  $\{n_j\}$  是神经元集合,  $\{l_k\}$  是该树的连接集合。神经元  $n_j$  也是一个有序对

$\|W_j, C_j\|$ ,  $W_j$  是神经元  $n_j$  的权值矢量,  $W_j = \|w_{j1}, w_{j2}, \dots, w_{jp}\|$ ,  $C_j$  是  $n_j$  的子神经元集合, SGNT 的结构如图 3 所示。

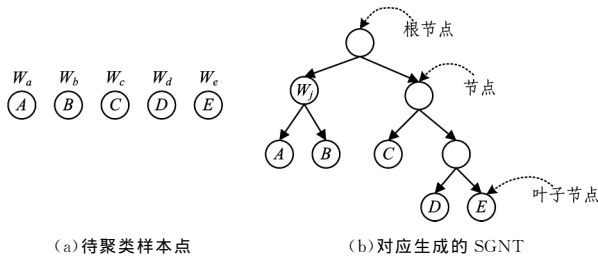


图 3 SGNT 结构图

SGNT 的生成算法描述如下。

Step 1 给定样本集  $\{e_i\} (i=1, 2, \dots, L)$ , 定义它们之间的距离为  $\|e_i, e_j\|$ 。

$$\|e_i, e_j\| = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^p (w_{jk} - w_{ik})^2}{p}} \quad (5)$$

Step 2 生成一个新节点  $n_j$ , 用输入数据  $e_i$  的属性值作为新节点  $n_j$  的权值  $W_j$ , 其中  $e_i$  是其样本属性组成的矢量  $\|a_{i1}, a_{i2}, \dots, a_{ip}\|$ ,  $p$  表示每个超像素样本属性的数目, 如果  $i=1$  (第一个输入数据), 则转 Step 6, 否则执行 Step 3。

Step 3 计算节点  $n_j$  与  $n_{node} (node=1, 2, \dots, j-1)$  是当前 SGNT 中的神经元节点) 之间的最小距离, 找出距离最小的获胜神经元节点  $n_{win}$ , 如果距离大于  $\|n_j, n_{win}\|$ , 则执行 Step 4, 否则  $n_j$  被并入  $n_{win}$ , 转至 Step 5。

Step 4 将  $n_j$  连接到当前 SGNT 神经树上。如果  $n_{win}$  是当前树中的叶子节点, 则创建一个新节点  $n_{j+1}$ , 令其权值  $W_{j+1}$  等于  $n_{win}$  的权值  $W_{win}$ , 连接  $n_j$  和  $n_{j+1}$  作为  $n_{win}$  的孩子节点, 否则仅连接  $n_j$  作为  $n_{win}$  的孩子节点。

Step 5 使用公式  $w_r = w_r + (e - w_r)/c_r$  更新节点  $n_r$  的权值向量  $w_r$ 。其中  $c_r$  是以节点  $n_r$  为根的子树的叶子节点的个数。

Step 6 如果  $i=L$ , 则结束算法, 否则  $i=i+1$ , 转至 Step 2, 继续执行。

在自生成神经树 SGNT 中, 输入的训练样本都被作为叶子神经元的权值, 非叶子神经元的权值是它的所有孩子的权值的平均值, 即以它为根的所有子树所覆盖的样本属性的平均值。

## 2.2 SGNT 优化

### 2.2.1 SGNT 生成算法改进

在对输入样本使用自生成神经网络 (SGNN) 生成自生成神经树 (SGNT) 时, 若改变同一组训练样本的输入顺序, 则有可能会得到不同的聚类结果 (见图 4), 即 SGNN 算法对样本的输入顺序很敏感<sup>[10]</sup>。为了得到稳定的聚类结果, 本文对 SGNN 算法进行了改进, 改进算法可以自生成多棵 SGNT, 并对每一棵 SGNT 进行网络结构的优化。

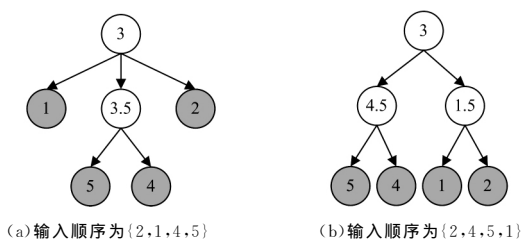


图 4 同一样本不同输入顺序下的 SGNN 聚类结果

首先定义待聚类的数目 (即最终生成 SGNT 的数目) 为

$k$ , 采用最大类间方差聚类算法<sup>[11]</sup>对超像素样本进行初聚类并获取  $k$  个初始聚类中心, 然后用这  $k$  个初始聚类中心生成  $k$  棵 SGNT, 最后使用网络结构优化来优化每一棵 SGNT 的结构, 得到最优的 SGNT。改进的自生成神经网络算法对超像素样本进行聚类的过程如图 5 所示, 具体步骤如下。

Step 1 输入待聚类的初始样本集  $\{X\}$ , 使用最大类间方差聚类算法进行初聚类, 获得  $k$  个超像素样本作为初始种子用于生成  $k$  棵 SGNT。

Step 2 对输入样本  $X_i$  生成神经元  $n_j$ , 依次输入, 搜索当前 SGNT 中与  $n_j$  距离最小的神经元  $n_{win}$  并将其关联到  $n_{win}$  所在的 SGNT 中, 直到所有样本都被输入到  $k$  棵 SGNT 中。

Step 3 对每一棵 SGNT 进行网络结构优化, 调整节点间的权值连接, 优化整个 SGNT 结构。

Step 4 按类别分别输出每棵 SGNT 的所有叶子节点, 即得到最终的聚类结果, 提取每类超像素样本的特征, 识别出肺实质。

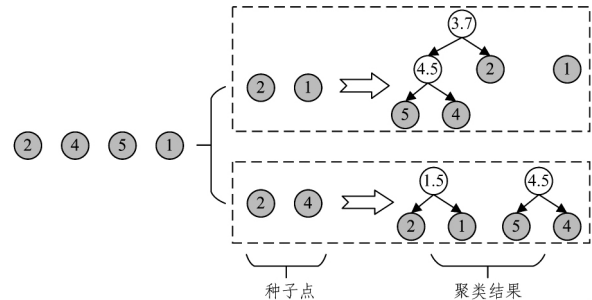


图 5 改进的 SGNN 算法聚类示意图

### 2.2.2 网络结构优化

SGNT 常用的网络结构优化方法包括水平优化和垂直优化<sup>[12]</sup>。水平优化会使得神经树的结构向纵向延伸, 而垂直优化则会使神经树的结构横向扩展。首先定义节点的两种状态, 对于 SGNT 中的任意一个神经元  $n$ , 假设父节点为  $n_p$ , 兄弟节点为  $n_c$ , 祖父节点为  $n_g$ , 如果  $\|n, n_p\| \leq \|n, n_c\|$ , 则称  $n$  是水平放置好的; 如果  $\|n, n_p\| \leq \|n, n_g\|$ , 则称  $n$  是垂直放置好的。

SGNT 中所有的神经元同时满足水平放置和垂直放置时, 其结构达到最优<sup>[13]</sup>。因此, 需要对没有满足要求的神经元进行网络结构优化, 具体的规则如下:

(1) 对于未满足水平放置的神经元  $n$ , 即  $\|n, n_p\| > \|n, n_c\|$ , 节点  $n$  将成为节点  $n_c$  的孩子节点, 更新节点  $n_c$  的权值  $W_{c_j}$  为:

$$W_{c_j} = \frac{c_c \times W_{c_j} + c_n \times W_{n_j}}{c_c + c_n}, j=1, 2, \dots, p \quad (6)$$

(2) 对于未满足垂直放置的神经元  $n$ , 即  $\|n, n_p\| > \|n, n_g\|$ , 节点  $n$  将成为节点  $n_g$  的孩子节点, 更新节点  $n_p$  的权值  $W_{p_j}$  为:

$$W_{p_j} = \frac{c_p \times W_{p_j} - c_n \times W_{n_j}}{c_p - c_n}, j=1, 2, \dots, p \quad (7)$$

将分割好的超像素作为输入样本, 将每个超像素的特征向量作为样本属性, 生成 SGNT, 并对其进行权值优化得到最佳的网络结构, 用于超像素的聚类。最终生成  $k$  棵 SGNT, 每棵 SGNT 对应一类, 同一棵 SGNT 中的叶神经元属于一类, 每一类的根节点代表该类的中心, 子节点的数目代表该类的数目。使用改进的 SGNN 对超像素样本聚为 4 类, 其结果如图 6 所示。

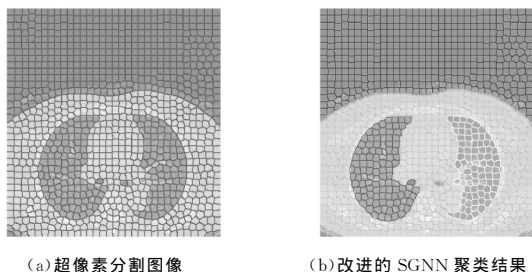


图 6 改进的 SGNN 聚类

### 2.2.3 肺实质识别

通过改进 SGNN 聚类算法对超像素样本进行分类,得到胸腔外背景、胸腔组织和左、右肺实质 4 个部分。此时需要对每一类样本进行特征提取以对肺实质图像进行识别。由于在 4 个部分中胸腔组织的灰度值较大,利用灰度均值可以将胸腔组织识别出来,另外,肺实质部分的超像素坐标分布相对集中,可以利用位置方差来区分肺实质和背景。

本文主要提取每一类超像素的灰度均值和坐标位置方差两个特征。对于每一类样本集  $\{X\}$ ,求解其灰度均值  $\phi(X)$ 、质心坐标以及坐标位置方差,如式(8)~式(10)所示:

$$\phi(X) = \frac{1}{n_i} \sum_{i=1}^{n_i} \sqrt{L^2 + a^2 + b^2} \quad (8)$$

$$(x_0, y_0) = \left( \frac{1}{n_i} \left( \sum_{i=1}^{n_i} \sqrt{x^2}, \sum_{i=1}^{n_i} \sqrt{y^2} \right) \right) \quad (9)$$

$$\xi^2(X) = \frac{1}{n_i} \sum_{i=1}^{n_i} \sqrt{(x-x_0)^2 + (y-y_0)^2} \quad (10)$$

灰度均值最小的部分对应胸腔组织,坐标位置方差大的部分对应胸腔外的背景部分,剩下的两类分别对应左、右肺实质图像部分。最后,需要遍历所有的肺实质部分的超像素样本,由于同一幅图像中的超像素具有相同的属性值  $z$ ,因此根据超像素特征向量中的  $z$  值和像素坐标顺序输出即可得到肺部 CT 图像中的序列肺实质图像。

## 3 实验结果分析

本文方法的实验平台是 Visual Studio 2010, MATLAB 2012b; PC 处理器为 Intel Core i7-3770, 主频为 3.40GHz, 内存为 8GB。本文所使用的序列 CT 图像数据来自于山西某医院, 20 例共 4812 张 CT 图像, 图像大小为  $512 \times 512$ 。为了验证方法的有效性, 在实验中邀请两位影像科专家医师进行手动分割, 并将所提方法与现有的活动轮廓模型 (Active contour model, ACM)、分水岭 (Watershed)、区域增长法 (Region growing) 以及水平集 (Level set) 分割方法的实验结果与专家手动分割结果进行了对比和分析。

### 3.1 定性分析

孤立性肺结节 (SPN) 是肺部结节中最常见的一类结节, 本文采用所提方法对含有孤立性肺结节的肺部 CT 序列图像进行分割。从肺顶到肺底部 (从左到右) 依次挑选了 5 张 (20, 60, 100, 150, 200) 肺部 CT 图像来展示图像分割的过程和结果, 如图 7 所示。图 7(a) 为原始图像, 图 7(b) 为肺部 CT 序列 ROI 提取的结果, 图 7(c) 为超像素序列分割的结果, 图 7(d) 为使用改进的 SGNN 聚类后的结果, 图 7(e) 为分割的肺实质图像掩膜, 图 7(f) 和图 7(g) 分别为本文方法和人工分割的最终分割结果。

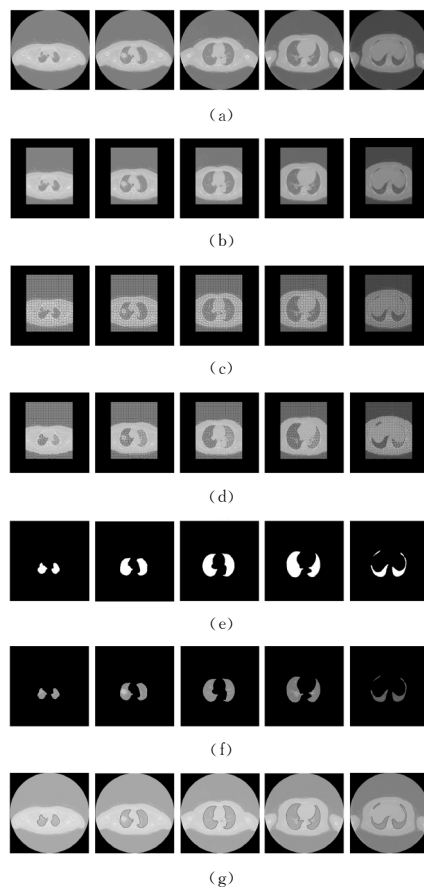


图 7 图像分割过程和结果

分别使用 ACM, Watershed, Region growing 以及 Level set 等分割方法进行分割处理, 分割结果对比图如图 8 所示。

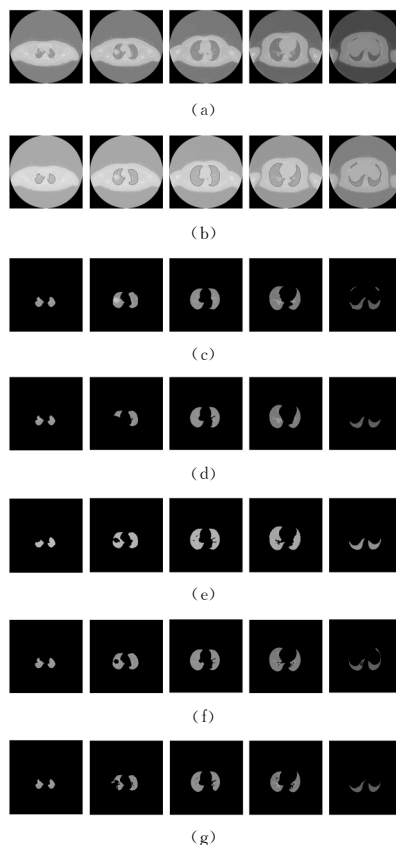


图 8 5 种分割方法与人工手动分割方法的结果对比图

图 8(a)为原始 CT 图像,图 8(b)为人工手动分割结果,图 8(c)~图 8(g)分别为本文方法,ACM, Watershed, Region growing 以及 Level set 方法的最终分割结果。

图 8 表明,对于这 5 种方法的分割结果与人工手动分割方法的分割结果相比,本文方法(见图 8(c))的分割效果较好,尤其是对肺顶部(第一列)、肺底部(第五列)以及含有肺结节(第二列)的 CT 图像进行分割的优势更加明显。在肺顶部图像的分割结果中, Watershed 方法(见图 8(e))会丢失部分肺实质图像。在含有肺结节的图像分割结果中, ACM 方法(见图 8(d))和 Level set 方法(见图 8(g))会丢失大部分肺实质, Watershed 方法(见图 8(e))和 Region growing 方法(见图 8(f))则会丢失肺结节部分。在肺底部图像的分割结果中,本文方法(见图 8(c))最接近人工分割结果,其它 4 种方法都会丢掉部分肺实质图像。因此,本文提出的方法在肺实质序列图像的分割方面具有较好的分割效果。

### 3.2 定量比较

本文采用 Jaccard 相似系数<sup>[14]</sup>、概率边缘指数<sup>[15]</sup>和时间作为指标对分割结果进行定量分析。假设原始肺部图像为  $S$ , 其含有  $M$  个像素, 参考分割图像和实际分割结果分别用  $S_s$  和  $S_r$  表示。

Jaccard 相似系数是用来比较样本集之间相似性和分散性的一个概率值,可以反映两幅分割图像的重合程度。Jaccard 的值越大,说明两幅图像的重合度越高,分割效果越好。Jaccard 相似系数的计算公式如式(11)所示。

$$Jaccard = \frac{M(S_s \cap S_r)}{M(S_s \cup S_r)} \quad (11)$$

其中,  $M(S)$  代表区域  $S$  内的像素个数。肺实质序列图像分割结果的 Jaccard 相似系数曲线如图 9 所示。

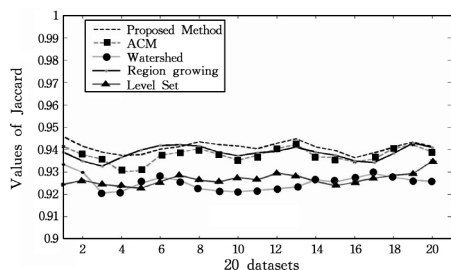


图 9 5 种方法所得分割结果的 Jaccard 曲线对比

概率边缘指数(Probabilistic Rand Index, PRI)是检验实际分割结果与参考结果之间的属性共生的一致性的参量。假设  $(x_i, x_j)$  是原图  $S_s$  中的一个像素对,若其在  $S_s$  中标记为  $(s_i, s_j)$ ,则在  $S_r$  中标记为  $(r_i, r_j)$ ,则 PRI 的计算公式如式(12)所示。

$$PRI(S_s, S_r) = \frac{1}{C_M^2} \sum_i \sum_j (I(s_i = s_j \& r_i = r_j) + I(s_i \neq s_j \& r_i \neq r_j)), j \neq i \quad (12)$$

其中,  $I$  是一个判别函数,用于判断像素对是否具有相同的标记。PRI 值越大,说明实际分割结果与参考结果之间的属性共生一致性越好,分割结果越接近于专家分割的结果。肺实质序列图像分割结果的 PRI 曲线如图 10 所示。

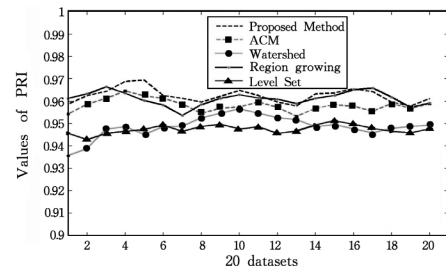


图 10 5 种方法所得分割结果的 PRI 曲线对比

5 种方法的平均处理时间如表 1 所列。由表 1 可知,在分割时间方面,本文方法耗时最少,活动轮廓模型耗时最长,分水岭和水平集法相当,区域增长法略优。本文方法处理一个厚度为 3.75mm、大小约为 60 张的数据集时平均时间约为 40s,即单张 CT 图像分割时间约为 0.67s;处理一个厚度为 1.5mm、大小约为 350 张的数据集时平均时间约为 188s,即单张 CT 图像分割时间约为 0.53s,少于其他 4 种方法;而且随着单个病例图像数量的不断增加,平均每张图片的处理时间反而在不断减小,这表明充分考虑前后序列之间的相关性可以加快序列图像的分割速度。

表 1 5 种方法的平均处理时间

Index	Size	Thickness /mm	ACM /s	Watershed /s	RG /s	Level set/s	本文方法/s
1	512*512*61	3.75	252.43	163.65	72.26	112.41	38.41
2	512*512*72	3.75	248.35	158.25	71.02	108.35	43.23
3	512*512*65	3.75	233.24	156.48	68.52	106.54	39.57
4	512*512*66	3.75	245.54	162.53	73.14	113.59	40.26
5	512*512*357	1.50	767.72	407.60	254.12	348.56	189.21
6	512*512*362	1.50	694.40	387.64	285.35	356.45	184.62
7	512*512*348	1.50	738.43	396.24	272.65	362.12	187.92
8	512*512*353	1.50	725.60	403.32	256.34	352.85	190.62

结束语 对 20 例共 4812 张肺部序列 CT 图像的分割实验结果表明,本文方法能够准确完整地分割序列肺实质图像,同时能达到  $92.09\% \pm 1.52\%$  的平均肺部体素重合度。在本文方法中,超像素能够较好地保留图像的边界信息且减少了像素样本量,既能保证图像的分割精准度也可以降低图像后续处理的复杂度;改进的 SGNN 聚类算法可以有效地提高聚类效率,保证聚类结果的精度。在分割肺顶部、肺底部以及部分含有肺结节的肺部 CT 图像时,与几种经典的分割方法相比,本文方法的分割效果较好,同时耗时较少,单张 CT 图像的平均处理时间为 0.61s,明显优于其他方法。因此,在肺实质序列图像分割中,本文所提方法高效且准确,适用于临床的实时应用。

### 参考文献

- [1] SIEGEL R, NAISHADHAM D, JEMAL A. Cancer statistics, 2012[J]. A Cancer Journal for Clinicians, 2012, 62(1): 10-29.
- [2] ANTONELLI M, FROSINI G, LAZZERINI B, et al. Automated Detection of Pulmonary Nodules in CT Scans[C]//International Conference on Computational Intelligence for Modelling, Control and Automation and International Conference on Intelligent Agents, Web Technologies and Internet Commerce Vol. IEEE Computer Society, 2005: 799-803.

(下转第 317 页)

- [7] SETIO A A, CIOMPI F, LITJENS G, et al. Pulmonary nodule detection in CT images; false positive reduction using multi-view convolutional networks. [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2016, 35(5):1.
- [8] KUMAR D, WONG A, CLAUSI D A. Lung Nodule Classification Using Deep Features in CT Images[C]//Computer and Robot Vision. IEEE, 2015:110-116.
- [9] JIA T, ZHANG H, BAI Y K. Benign and Malignant Lung Nodule Classification Based on Deep Learning Feature[J]. Journal of Medical Imaging & Health Informatics, 2015, 5(8):1936-1940.
- [10] WEI S, MU Z, FENG Y, et al. Multi-scale Convolutional Neural Networks for Lung Nodule Classification [M] // Information Processing in Medical Imaging. Springer International Publishing, 2015:588-99.
- [11] HUANG G B, ZHU Q Y, SIEW C K. Extreme learning machine: Theory and applications[J]. Neurocomputing, 2006, 70(1-3):489-501.
- [12] HUANG G B, BAI Z, KASUN L L C, et al. Local Receptive Fields Based Extreme Learning Machine[J]. IEEE Computational Intelligence Magazine, 2015, 10(2):18-29.
- [13] VINCENT P, LAROCHELLE H, LAJOIE I, et al. Stacked Denoising Autoencoders: Learning Useful Representations in a Deep Network with a Local Denoising Criterion[J]. Journal of Machine Learning Research, 2010, 11(12):3371-3408.
- [14] QIANG Y, JI G, HAN X, et al. Coarse-to-Fine Lung Segmentation in Computed Tomography Images[J]. Journal of Computational and Theoretical Nanoscience, 2015, 12(2):330-334.
- [15] ZHAO J, MA R, QIANG Y, et al. Solitary Pulmonary Nodule Segmentation Based on the Rolling Ball Method[J]. Journal of Computational and Theoretical Nanoscience, 2015, 12(8):1977-1983.
- [16] QIANG Y, ZHANG X, JI G, et al. Automated Lung Nodule Segmentation Using an Active Contour Model Based on PET/CT Images[J]. Journal of Computational and Theoretical Nanoscience, 2015, 12(8):1972-1976.
- [17] TANG J, DENG C, HUANG G B. Extreme Learning Machine for Multilayer Perceptron. [J]. IEEE Transactions on Neural Networks & Learning Systems, 2015, 27(4):809-821.
- [18] ZHU W, MIAO J, QING L. Constrained Extreme Learning Machines: A Study on Classification Cases[J/OL]. Computer Science, <https://arxiv.org/ftp/arxiv/papers/1501/150106115.pdf>.

## (上接第 300 页)

- [3] GILL G, TOEWS M, BEICHEL R R. Robust Initialization of Active Shape Models for Lung Segmentation in CT Scans: A Feature-Based Atlas Approach[J]. International Journal of Biomedical Imaging, 2014, 2014(1/2):479154-479154.
- [4] CAO L, ZHAN J, YU X E, et al. Fast lung segmentation algorithm for thoracic CT based on automated thresholding[J]. Computer Engineering and Applications, 2008, 44(12):178-181. (in Chinese)  
曹蕾, 占杰, 余晓镔, 等. 基于自动阈值的 CT 图像快速肺实质分割算法[J]. 计算机工程与应用, 2008, 44(12):178-181.
- [5] MANSOOR A, BAGCI U, MOLLURA D J. Near-optimal key-point sampling for fast pathological lung segmentation[C] // 2014 36th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC). IEEE, 2014: 6032-6035.
- [6] SHOJAII R, ALIREZAIE J, BABYN P. Automatic segmentation of abnormal lung parenchyma utilizing wavelet transform [C]//IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing, 2007 (ICASSP 2007). IEEE, 2007: 1217-1220.
- [7] QIANG Y, ZHANG X, JI G, et al. Automated Lung Nodule Segmentation Using an Active Contour Model Based on PET/CT Images[J]. Journal of Computational and Theoretical Nanoscience, 2015, 12(8):1972-1976.
- [8] REN X, MALIK J. Learning a classification model for segmentation[C] // Ninth IEEE International Conference on Computer Vision, 2003. IEEE, 2003:10-17.
- [9] WEN W X, LIU H, JENNINGS A. Self-generating neural networks[C] // International Joint Conference on Neural Networks. IEEE, 1992:850-855.
- [10] ZHAO J, JI G, XIA Y, et al. Cavitory nodule segmentation in computed tomography images based on self-generating neural networks and particle swarm optimisation [J]. International Journal of Bio-Inspired Computation, 2015, 7(1):62-67.
- [11] WU H, WANG R G, FANG S, et al. Image segmentation algorithm research based on minimum within-cluster difference and maximum between-cluster difference[J]. Journal of Engineering Graphics, 2011, 32(1):67-75. (in Chinese)  
吴昊, 汪荣贵, 方帅, 等. 基于最小类内差和最大类间差的图像分割算法研究[J]. 图学学报, 2011, 32(1):67-75.
- [12] LI L. Optimized self-generating neural network for image segmentation[J]. Infrared Technology, 2010, 32(4):198-203. (in Chinese)  
李露. SGNN 优化算法的研究及其在图像分割中的应用[J]. 红外技术, 2010, 32(4):198-203.
- [13] JI G H, ZHAO J J, PAN L. Classification of solitary pulmonary nodules based on improved self-generating neural network[J]. Journal of Taiyuan University of Technology, 2015, 46(6):754-759. (in Chinese)  
纪国华, 赵涓涓, 潘玲. 基于改进自生成神经网络的孤立性肺结节分类[J]. 太原理工大学学报, 2015, 46(6):754-759.
- [14] LI D W, WANG J, CHEN J H, et al. Liver segmentation by using an optimal framework for CT images[J]. Chinese Journal of Computers, 2016, 39(7):1-13. (in Chinese)  
李登旺, 王杰, 陈进琥, 等. 基于最优值搜索框架的 CT 序列图像肝脏分割[J]. 计算机学报, 2016, 39(7):1-13.
- [15] UNNIKRISHNAN R, HEBERT M. Measures of similarity[C] // Seventh IEEE Workshops on Application of Computer Vision, 2005(WACV/MOTIONS'05). IEEE, 2005, 1:394.