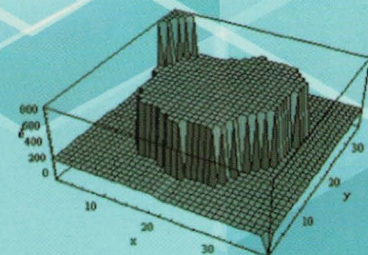
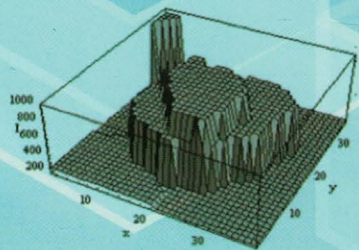
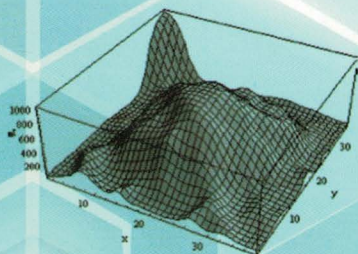


图像检测与分割方法 及其应用

任会之 孙申申 著



机械工业出版社
CHINA MACHINE PRESS

图像检测与分割方法 及其应用

任会之 孙申申 著



机械工业出版社

本书主要介绍关于图像检测与分割方法及其应用的一些最新研究。即在对图像检测与分割方法的基本概念、研究进展进行总结分析的基础上,以人体特别是肺部的医学影像后处理为应用案例,结合现有模式识别、人工智能方面的前沿理论,提出了图像检测与分割的新算法。

本书共分5章。第1章为基于Hessian矩阵的球形区域检测方法及其应用;第2章为基于组合优化和SVM的图像球形区域检测方法;第3章为基于多尺度和Mean-Shift的分割方法研究;第4章为基于EM和Mean-Shift的分割方法研究;第5章为基于改进主动形状模型的分割方法研究。

本书内容既有理论算法,又有典型应用,理论联系实际,具有广泛的参考价值。

本书可供计算机应用、医学影像、生物医学工程等领域从事图像分割和检测理论研究、技术、应用的专业人员和师生参考。

图书在版编目(CIP)数据

图像检测与分割方法及其应用/任会之,孙申申著. —北京:机械工业出版社,2018.7

ISBN 978-7-111-59701-8

I. ①图… II. ①任… ②孙… III. ①数字图像处理 IV. ①TN911.73

中国版本图书馆CIP数据核字(2018)第072688号

机械工业出版社(北京市百万庄大街22号 邮政编码100037)

策划编辑:沈红 责任编辑:沈红

责任校对:王明欣 封面设计:路恩中

责任印制:张博

河北鑫兆源印刷有限公司印刷

2018年6月第1版第1次印刷

169mm×239mm·4.75印张·2插页·74千字

标准书号:ISBN 978-7-111-59701-8

定价:69.00元

凡购本书,如有缺页、倒页、脱页,由本社发行部调换

电话服务

网络服务

服务咨询热线:010-88361066

机工官网:www.cmpbook.com

读者购书热线:010-68326294

机工官博:weibo.com/cmp1952

010-88379203

金书网:www.golden-book.com

封面无防伪标均为盗版

教育服务网:www.cmpedu.com

前 言

本书从实际应用的角度，研究并改进了现有的图像检测与分割方法。重点讲述了基于圆点滤波器的增强算法、组合优化（如改进遗传算法或分散搜索）和支持向量机相结合的“去假阳”算法框架、基于主动形状模型的分割方法、基于多尺度的均值漂移的带宽选取方法、结合均值漂移和期望最大的分割方法等。

本书以肺部的孤立型肺结节图像检测和分割为实际案例，在应用中对这些算法进行了改进研究，且提出了结合均值漂移和期望最大的图像分割方法；通过在肺部图像的粘连血管型肺结节分割中的应用，证明了其具有较好的应用效果。还提出改进主动形状模型方法，并应用在肺部图像的病态肺实质分割中，取得了较好的结果。

本书详细介绍了这些算法的理论推导、算法步骤和实验结果，力求向读者展示出图像检测与分割的最新研究动态及其应用成果，希望能为从事图像处理的广大读者提供参考，推动该领域的学术进步。本书理论联系实际，应用实例清晰可靠。

本书第1、2章由任会之编写，第3、4、5章由孙申申编写，全书由任会之统稿。

本书的主要内容为著者多年来的研究成果。本书的研究课题得到了国家自然科学基金青年基金（71201105）、辽宁省高校科学研究项目（L2014480）的资助。

由于图像检测与分割技术正在迅速发展之中，加之作者水平有限，本书的内容会有不足之处，恳请广大读者批评指正。

著 者

目 录

前 言

第 1 章 基于 Hessian 矩阵的球形区域检测方法及其应用	1
1.1 基于二维 Hessian 矩阵的圆点滤波器	1
1.2 基于三维 Hessian 矩阵的圆点滤波器	1
1.3 圆点滤波器理论在图像处理中的应用实例	3
1.4 实验结果及分析	6
1.4.1 实验数据	6
1.4.2 实验环境	7
1.4.3 实验方案	7
1.4.4 实验结果	7
第 2 章 基于组合优化和 SVM 的图像球形区域检测方法	10
2.1 求解组合优化问题的智能计算方法	10
2.1.1 遗传算法	10
2.1.2 分散搜索算法	11
2.2 基于组合优化的特征选择模型	11
2.3 基于改进 GA 和 SVM 的求解模型	13
2.4 基于 SS 和 SVM 求解模型	14
2.5 基于改进 GA 和 SVM 模型及其应用	15
2.5.1 肺分割	16
2.5.2 自适应感兴趣区域获取	17
2.5.3 特征提取	18
2.6 实验结果及分析	20
2.6.1 实验数据	20
2.6.2 参数的选取	20
2.6.3 实验结果及讨论	21
第 3 章 基于多尺度和 Mean-Shift 的分割方法研究	29
3.1 多尺度层次聚类方法	29
3.2 均值漂移算法	31

3.3	均值漂移算法带宽参数选取现状	33
3.4	基于多尺度的带宽参数选取方法	35
3.5	基于多尺度和 Mean-Shift 分割在图像处理中的应用	36
3.5.1	初始区域的获取	36
3.5.2	初始带宽参数的选取	37
3.5.3	最佳带宽参数的选取	38
3.5.4	Mean-Shift 二维分割结节过程	39
3.6	实验结果及分析	40
3.6.1	实验方案	40
3.6.2	人造实验数据及结果	40
3.6.3	肺 CT 影像实验数据	42
3.6.4	实验结果与讨论	42
第 4 章	基于 EM 和 Mean-Shift 的分割方法研究	45
4.1	期望最大算法	45
4.1.1	算法原理	45
4.1.2	算法步骤	46
4.2	基于 EM 和 Mean-Shift 在图像分割中的应用	46
4.2.1	基于 EM 的带宽选取方法流程	46
4.2.2	预处理	48
4.2.3	基于关系矩阵的流向特征提取	49
4.2.4	基于 EM 估计粘连血管型结节模型参数	51
4.2.5	最佳带宽参数选取	51
4.3	Mean-Shift 三维分割结节过程	52
4.4	结果及分析	53
4.4.1	实验方案	53
4.4.2	人造实验数据及结果	53
4.4.3	肺 CT 影像实验数据	55
4.4.4	实验结果与讨论	56
第 5 章	基于改进主动形状模型的分割方法研究	58
5.1	主动形状模型	58
5.2	改进 ASM 在肺区分割上的应用	59
5.2.1	肺区分割研究现状	59
5.2.2	提取标记点	61

5.2.3	建立形状模型	61
5.2.4	异常标记点选择	62
5.2.5	搜索肺区边缘	63
5.3	数据集及分割结果	64
5.3.1	数据集	64
5.3.2	分割结果	64
5.3.3	分割结果评价与讨论	65
参考文献	67

第 1 章 基于 Hessian 矩阵的球形 区域检测方法及其应用

所谓图像检测，就是对图像感兴趣的特征区域（检测目标）有针对性地进行提取及其过程。其中图像是承载检测目标的载体，检测目标需要事先进行特征提取、归纳，最终通过相应算法分离出来。本章试图应用基于 Hessian 矩阵的圆点滤波器，对具有球形特征的目标图像进行检测。

1.1 基于二维 Hessian 矩阵的圆点滤波器

在二维上，服从高斯分布的圆形用式 (1-1) 表示，服从高斯分布的线结构用式 (1-2) 表示^[1]。

$$d(x, y) = \exp\left(\frac{-(x^2 + y^2)}{2\sigma^2}\right) \quad (1-1)$$

$$l(x, y) = \exp\left[\frac{-(x^2)}{2\sigma^2}\right] \quad (1-2)$$

二维 Hessian 矩阵形式如下：

$$\mathbf{H} = \begin{pmatrix} u_{xx} & u_{xy} \\ u_{yx} & u_{yy} \end{pmatrix} \quad (1-3)$$

特征值为 λ_1 、 λ_2 ，当 $\lambda_1 = \lambda_2 < 0$ 时，为圆上的像素；当 $\lambda_1 < 0$ 且 $\lambda_2 = 0$ 时，为线上的像素。在二维空间下，定义的圆点和线的增强算子如下：

$$z_{\text{dot}}(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) = \begin{cases} |\lambda_3|^2 / |\lambda_1|, & \text{当 } \lambda_1 < 0, \lambda_2 < 0, \lambda_3 < 0 \text{ 时} \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (1-4)$$

$$z_{\text{line}}(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) = \begin{cases} |\lambda_1| - |\lambda_2|, & \text{当 } \lambda_1 < 0 \text{ 时} \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (1-5)$$

1.2 基于三维 Hessian 矩阵的圆点滤波器

在三维上，用式 (1-6) 表示服从高斯分布的球；用式 (1-7) 表示服

从高斯分布圆柱；用式 (1-8) 表示服从高斯分布的面模型。模型方程如下^[2]：

$$d(x, y, z) = \exp\left[\frac{-(x^2 + y^2 + z^2)}{2\sigma^2}\right] \quad (1-6)$$

$$l(x, y, z) = \exp\left[\frac{-(x^2 + y^2)}{2\sigma^2}\right] \quad (1-7)$$

$$p(x, y, z) = \exp\left[\frac{-(x^2)}{2\sigma^2}\right] \quad (1-8)$$

三维 Hessian 矩阵形式如下：

$$\mathbf{H} = \begin{pmatrix} u_{xx} & u_{xy} & u_{xz} \\ u_{yx} & u_{yy} & u_{yz} \\ u_{zx} & u_{zy} & u_{zz} \end{pmatrix} \quad (1-9)$$

特征值为 λ_1 、 λ_2 、 λ_3 ，当 $\lambda_1 = \lambda_2 = \lambda_3 < 0$ 时，为结节上的像素；当 $\lambda_1 = \lambda_2 < 0$ 且 $\lambda_3 = 0$ 时，为血管上的像素；当 $\lambda_1 < 0$ 且 $\lambda_2 = \lambda_3 = 0$ 时，为平面上的像素。

图 1-1 阐述了 Hessian 矩阵特征值和局部形状之间的关系。在三维空间中，定义的管、平面和球的增强算子如下：

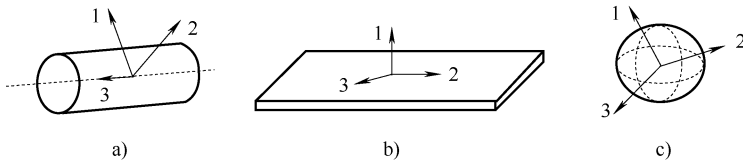


图 1-1 Hessian 矩阵特征值和局部形状之间的关系

a) 管 b) 平面 c) 球

$$z_{\text{dot}}(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) = \begin{cases} |\lambda_3|^2 / |\lambda_1|, & \text{当 } \lambda_1 < 0, \lambda_2 < 0, \lambda_3 < 0 \text{ 时} \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (1-10)$$

$$z_{\text{line}}(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) = \begin{cases} |\lambda_2| (|\lambda_2| - |\lambda_3|) / |\lambda_1|, & \text{当 } \lambda_1 < 0, \lambda_2 < 0, \lambda_3 < 0 \text{ 时} \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (1-11)$$

$$z_{\text{plane}}(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3) = \begin{cases} |\lambda_1| - |\lambda_2|, & \text{当 } \lambda_1 < 0 \text{ 时} \\ 0, & \text{其他} \end{cases} \quad (1-12)$$

1.3 圆点滤波器理论在图像处理中的应用实例

圆点滤波器理论可以应用在具有球形特征的图像目标检测中。在特定人群的人体肺部 CT 影像上，毛玻璃型肺结节（GGO）就表现为球形特征。而检测这些存在于 CT 影像上的毛玻璃型肺结节，有一定的临床价值。因为圆点滤波器可以增强球形图像特征^[3]，所以用圆点滤波器增强毛玻璃肺结节并进行检测是可行的。其具体方法和步骤如下。

首先，利用自适应非线性滤波器（AN filter, Adaptive Nonlinear filter）^[4]拉伸血管与毛玻璃型结节之间的对比度；然后，自适应地选取阈值把血管从肺实质区中剔除掉，这时，肺实质区内只有毛玻璃型结节和肺实质；最后，用圆点滤波器就可以提取出候选毛玻璃型结节。

之所以用自适应非线性滤波器是因为它是空域上的滤波器，不用做傅里叶变换^[6]，速度上是可以接受的。同时，由于其自适应性，它在去除噪声的同时，也增强了边缘，且有较好的拉伸对比度效果。检测 GGO 结节的算法程序流程图如图 1-2 所示。

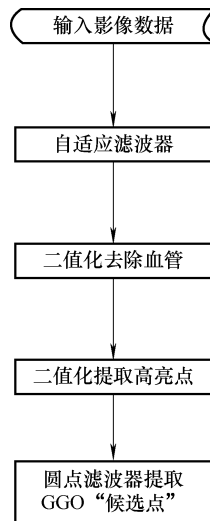


图 1-2 GGO 结节检测算法程序流程图

由于固定模板的缺点，Guillon 等人^[4]提出了根据图像的局部梯度自适应地变换滤波器模板，即自适应非线性滤波器（AN filter）。设模板 S 的

尺寸为 $K_1 \cdot K_2$ ，模板的系数应该是像素 (x, y) 和像素 $(x+i, y+j)$ 灰度值相似程度。如果相同，则 $m_{ij} = 1$ ；如果相差很大，则 $m_{ij} = 0$ 。自适应滤波器的模板 $M = \{m_{ij} \in [0, 1] \mid (i, j) \in S\}$ ，定义自适应滤波器模板的系数 m_{ij} 如下：

$$S = \left\{ (i, j) \in \left[-\frac{K_1-1}{2}; \frac{K_1-1}{2} \right] \cdot \left[-\frac{K_2-1}{2}; \frac{K_2-1}{2} \right] \right\} \quad (1-13)$$

$$m_{ij} = \exp \left\{ -\frac{[f(x+i, y+j) - f(x, y)]^2}{2\delta^2} \right\} \quad (1-14)$$

为了使滤波器同时起到平滑和增强边缘的作用，下列式把低通滤波器和高通滤波器结合起来^[5]。

$$g(x, y) = g_L(x, y) + \alpha g_H(x, y) \quad (1-15)$$

$$g_L(x, y) = \sum_{(i,j) \in S} h_{i,j} f(x+i, y+j) \quad (1-16)$$

$$h_{i,j} = \frac{m_{i,j}}{\sum_{(k,l) \in S} m_{k,l}} \quad (1-17)$$

$$g_H(x, y) = \sum_{(i,j) \in S} w_{i,j} f(x+i, y+j) \quad (1-18)$$

$$w_{i,j} = m_{i,j} - \bar{m}; \quad \bar{m} = \frac{1}{\text{Card}(S)} \sum_{(i,j) \in S} m_{i,j} \quad (1-19)$$

式中： $g_L(x, y)$ 为低通滤波器； $g_H(x, y)$ 为高通滤波器； $\text{Card}(S)$ 表示集合 S 中元素的个数。

自适应滤波器低通部分和高通部分的效果如图 1-3 所示。图 1-3a 是对含 GGO 的 CT 影像进行自适应非线性滤波的低通部分的效果，图 1-3b 是对含 GGO 的 CT 影像进行自适应非线性滤波的高通部分的效果。图 1-4 为

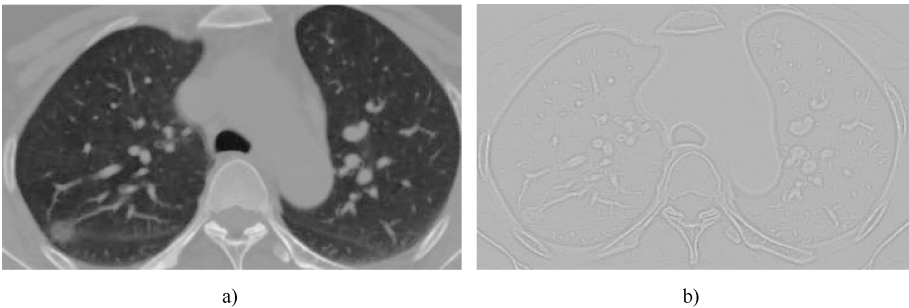


图 1-3 自适应滤波器低通部分和高通部分的效果

a) 低通部分效果 b) 高通部分效果



图 1-4 自适应非线性滤波器滤波的增强效果

自适应非线性滤波器滤波的增强效果，可以看出，滤波器拉伸了血管和毛玻璃型结节的对比度，也拉近了毛玻璃型结节和肺实质区域的 CT 对比度。

如果数据集合服从正态分布 $N(\mu, \sigma)$ ，根据正态分布的性质， 4σ 能覆盖正态分布曲线下面积的 0.95 倍。图 1-4 所示的直方图如图 1-5a 所示。假设该直方图服从半个正态分布，血管等的高亮区域应该占曲线下面积的 $(1 - 0.95)/2 = 0.025$ 倍。

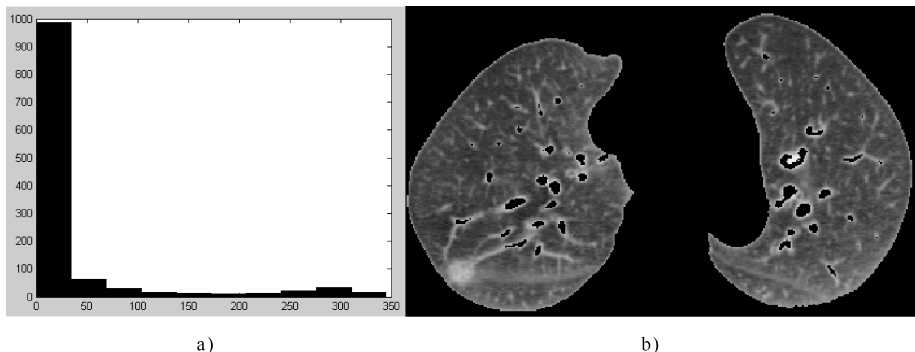


图 1-5 从增强图像中剔除血管

a) 图 1-4 的直方图 b) 去除血管后的图像

图 1-4 所示中可以看到已经把血管和毛玻璃型结节的对比度拉大了，下面用自适应阈值的方法再把血管剔除出去。设肺实质区域直方图的最大灰度级数为 $\max Value$ ，最小灰度级数为 $\min Value$ ，肺实质区域的像素个数为 n ，从 $\max Value$ 到 $\min Value$ 累加灰度级对应的像素个数和 sumThreshold 。当 $\text{sumThreshold} > n \times 0.025$ 则停止，并记录当前的灰度值 ThresholdValue 。

自适应阈值 τ 被设为 ThresholdValue ，用阈值 τ 把血管从原图像中剔除掉，如图 1-5b 所示。

如果直接对图 1-5b 做圆点滤波器的处理，运算量会非常大，且耗时多，不实用。则需要对图 1-5b 取高亮区域，在高亮区域中进行圆点滤波器的操作。用自适应阈值的方法提取高亮区域，即设图 1-5a 直方图的最大灰度级数为 maxValue1 ，最小灰度级数为 minValue1 ，肺实质区域的像素个数为 n_1 ，从 maxValue1 到 minValue1 累加灰度级对应的像素个数和 sumThreshold1 ，当 $\text{sumThreshold1} > n_1 \times 0.1$ 则停止，并记录当前的灰度级数 ThresholdValue1 。自适应阈值 τ_1 被设为 ThresholdValue1 。二值化后高亮区域如图 1-6a 所示；对图 1-6a 进行圆点滤波器操作结果如图 1-6b 所示，图中圈定的为候选毛玻璃型结节。

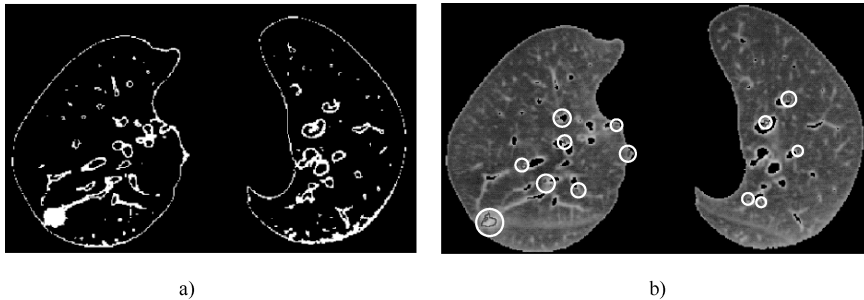


图 1-6 提取毛玻璃型候选结节的结果

a) 高亮区域 b) 圆点滤波器提取得 GGO 型“候选点”

1.4 实验结果及分析

1.4.1 实验数据

表 1-1 描述了本章中使用的影像数据来源和数据属性。数据来源于 LIDC 数据库和广州医学院第一附属医院，每套数据的结节都有医生手工标识的“金标准”，即结节的位置。LIDC 数据库中的数据是扫描部分的肺影像，而广州医学院第一附属医院的数据是扫描全肺影像。广州医学院第一附属医院的数据库中的影像，是通过东芝 16 排 CT 产生的，球管的电压为 120kV，电流为 130mA。数据被重建成 512×512 大小的影像。

表 1-1 本章测试算法性能的数据库

项 目	LIDC 数据库	广州医学院第一附属医院
CT 影像套数/套	23	64
像素单位体积	0.6mm × 0.6mm × 0.6mm	0.6mm × 0.6mm × 2mm ~ 3mm
平均层数/层	30 ~ 50	100 ~ 200
“金标准”中结节总数/个	23	226
孤立型结节总数/个	11	82
粘连血管型结节总数/个	6	54
粘连肺壁型结节总数/个	2	58
GGO 结节数/个	4	32

1.4.2 实验环境

所有实验都是在主频 AMD2GHz、内存 1.5GB 计算机上完成的；操作系统是 Windows XP，编程语言为 VC++6.0。算法代码的开发都是在东软医学影像处理与分析平台下完成的，该平台是基于 NIL 库实现的，并负责把 3D 影像数据读入到内存中，且能把处理后的结果显示到界面上。

1.4.3 实验方案

本章实验共设计 2 套实验方案，具体方案如下。

1. 实验一

目的是分析提取毛玻璃型候选肺结节的必要性。让医生检测 LIDC 数据库中的所有影像，并画出检测结果。同时和 LIDC 发布的“金标准”进行比较，并分别统计各种类型结节的漏检情况。

2. 实验二

目的是分析所提出的提取毛玻璃型候选肺结节方法的有效性和实用性。首先，找出“金标准”含有毛玻璃型结节的影像；然后，分别对每套影像分割肺实质区域；再次，按照 1.3 中所述方法，得到 GGO 结节的“候选点”；最后，统计平均运行时间、“候选点”个数/套、漏检的个数。与此同时，在相同的数据集上对文献 [6, 8] 所述算法进行了评估，并把它们的结果与所提出的方法的结果相比较。

1.4.4 实验结果

实验一的实验结果是：LIDC 数据库中共 23 个结节，医生总共漏检了 6 个，其中孤立型结节漏检 2 个，粘连血管型结节和粘连肺壁型结节无漏检，而毛玻璃型结节漏检了 4 个（漏检率 100%）。因此，证明了毛玻璃型结节是医

生最易漏检的结节类型，从而说明提取候选毛玻璃型结节的必要性。

实验二中把 1.3 所述方法中的自适应滤波器的参数 α 设为 3，模板的高斯系数 δ 也设定为 3。检测结果是：对于广州医学院第一附属医院数据库中的 32 个毛玻璃型结节，漏检了 5 个；而对于 LIDC 数据库中的 4 个毛玻璃型结节，没有漏检现象发生。表 1-2 分别列出了 3 种方法的漏检率、平均每层“候选点”个数，平均每套影像提取“候选点”所需时间。

表 1-2 本章方法与现有的 2 种方法的性能对比

实验方法	漏检率	候选点个数/层	速度/(min/套)
文献 [6] 方法	42.5%	32.0	3.5
文献 [8] 方法	30.4%	7.4	4.5
本章方法	15.6%	5.5	1.2

图 1-7 为 4 幅包含 GGO 结节的影像，箭头标示的为 GGO 结节。本章方法提取候选毛玻璃型结节的实际效果如图 1-8 所示，图 1-8 为本章算法提取 GGO 结节“候选点”（各分图的左半部分）的结果，且用箭头标示。

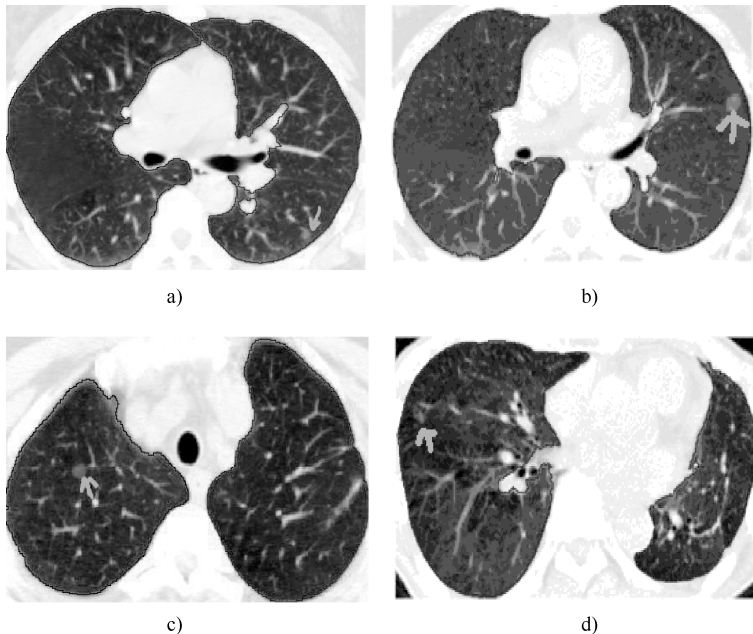


图 1-7 4 幅包含 GGO 结节的影像

- a) 含毛玻璃型结节影像 1 b) 含毛玻璃型结节影像 2
c) 含毛玻璃型结节影像 3 d) 含毛玻璃型结节影像 4

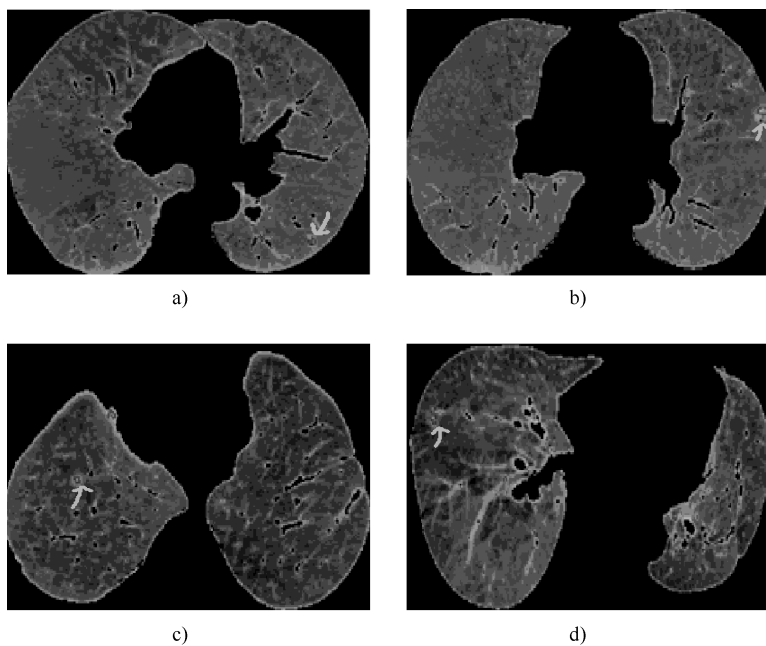


图 1-8 本章算法提取 GGO 结节“候选点”的结果

- a) 对影像 1 提取“候选点”结果 b) 对影像 2 提取“候选点”结果
c) 对影像 3 提取“候选点”结果 d) 对影像 4 提取“候选点”结果

第 2 章 基于组合优化和 SVM 的 图像球形区域检测方法

在模式识别和图像区域检测中，具有自我学习能力的支持向量机（SVM，Support Vector Machine）是一种常用方法^[9]。应用支持向量机，先要对图像进行特征提取。在提取的众多特征中选取部分特征进行组合，以实现模式识别或图像区域检测的最优效果。选择特征组合的问题可以看作是一个组合优化问题。本章将遗传算法、分散搜索算法等求解组合优化问题的方法与 SVM 相结合，并应用于图像区域检测。

2.1 求解组合优化问题的智能计算方法

对于图像特征选取的组合优化问题，采用了求解组合优化问题的两种现代优化算法，即遗传算法和分散搜索算法。

2.1.1 遗传算法

遗传算法^[10]（GA，Genetic Algorithm）模拟了达尔文的“优胜劣汰”进化过程，即模拟了自然选择和遗传进化中发生的繁殖、交配和突变现象。从一个初始种群出发，通过随机选择、交叉和变异操作，产生一群新的更适合环境的个体；再使群体进化到搜索空间中越来越好的区域，这样一代代不断进化；最后，收敛到一个最适应环境的个体上，求得问题的近优解。

在遗传算法中，需要用到适应度函数、选择算子、交叉算子和变异算子等概念。适应度是为实际问题预先定义的数学度量，用于测试每个个体的优劣程度。选择算子保证父种群和子种群个体的连续性，也使得子种群继承父种群适应度函数高的个体。交叉算子和变异算子用在种群进化中，交叉算子使得下一代种群中的个体不但继承上代种群中父体的基因，而且还要继承母体的基因；变异操作对应着生物界的基因突变，增加种群中个体的多样性。

每个用二进制串编码的个体叫作染色体。遗传算法的具体步骤如下：

1) 建立初始种群, 由 P 个个体组成, 每个个体为 d 位基因码, 计算每个个体的适应度 (Fitness) 函数值。

2) 选择算子 (如轮盘法、锦标赛选择等方式): 从当前种群中选择繁衍到子种群的个体。

3) 从 2) 选择的个体经过交叉算子 (如两点交叉、均匀交叉等方式) 和变异算子 (如“位”突变), 产生后代种群。

4) 从 3) 中选择前 P 个适应度函数值最大的个体作为当前种群。重复步骤 2) ~ 4) 直到终止条件被满足。

步骤中的终止条件可以是事先定义的最多迭代次数和求解精度等。

2.1.2 分散搜索算法

与遗传算法类似, 分散搜索 (SS, Scatter Search)^[11] 算法也是一种基于种群的进化算法。不同的是, 分散搜索算法在种群的选择中, 不仅考虑个体解的质量, 还要考虑整个种群的分散性。通过控制参考集中解的质量和分散性, 使得搜索过程具有良好的广泛性, 不容易陷入局部最优。算法包括 5 个部分: 初始种群的产生策略、子集产生策略、解的组合策略、解的改进策略和参考集更新策略。

初始种群的产生策略必须能产生具有良好质量和分散性的初始种群, 这样从中精选出的参考解集, 才能广泛地分布在整个解空间, 且具有良好的多样性。子集产生策略构造若干个参考集的子集, 而解的组合策略分别组合这些子集中的解产生新解。产生的这些新解经改进策略进行改进后, 用于更新参考集。分散搜索算法步骤如下:

1) 以初始种群产生策略建立初始种群。

2) 使用参考集更新策略从初始种群构造参考集, 其过程 (参考集包含新解) 如下:

① 用子集产生策略产生参考集的子集集合 NewSubsets。

② 对 NewSubsets 中的各个子集分别使用组合策略产生新解, 并以改进策略进行改进。

③ 用改进后的这些新解更新参考集。

2.2 基于组合优化的特征选择模型

特征选择方法有两种模式: 过滤 (filter) 模式和封装 (wrapper) 模

式^[12]。过滤模式利用特征对数据的可分度和特征间的相关性作为选取特征组合的指标，一般具有效率高而效果差的特点；封装模式利用分类器的分类正确率作为选取特征组合的指标，具有效率低但效果好的特点。由于建立分类器是在离线状态下进行的，对速度的要求不高，而且该分类器用于医学背景下，需要保证较高的敏感性和特异性，所以选择封装模式较为适宜。

特征选择实际是一个特征的组合优化问题，已被证明是 NP-Hard 问题，常见的智能优化方法如 GA 被应用到解决该问题中。对于许多图像检测的应用（如医学影像中的模式识别）上的标准数据，基于 SVM 建立的分类器效果要优于人工神经网络（ANN, Artificial Neural Networks）^[13]、决策树（DT, Decision Trees）^[14]等其他分类器，这是因为 SVM 是专门针对有限样本分类情况的。SVM 最终把分类问题转化成为一个二次型寻优问题，可以得到全局最优解，解决了人工神经网络中无法避免的局部极值问题。SVM 将原特征空间通过非线性变化转换到高维特征空间，在高维特征空间中构造线性判别函数来实现原空间中的非线性判别函数。图 2-1 描述了基于组合优化和 SVM 的特征选择的过程框架。

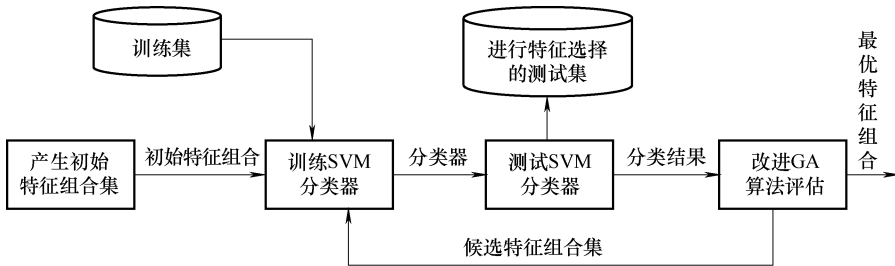


图 2-1 基于组合优化和 SVM 的特征选择的过程框架

在图 2-1 中首先由组合优化算法产生初始候选特征组合集（初始候选特征子集），并和训练集数据一起训练出 SVM 分类器；然后，用 SVM 分类器测试用于特征选择的测试集，得出的测试结果返回给组合优化算法进行对候选特征组合的评估，并产生下一代候选特征子集；如此反复迭代到最大代数，从而求出最优特征组合。对特征选择问题建立数学模型如下：

$$\begin{aligned} \max f(X) &= w_1 \cdot \text{Sensitivity}(X) + w_2 \cdot \text{Specificity}(X) & (2-1) \\ \text{s. t. } \text{Sensitivity}(X) &= TP(X) / [TP(X) + FN(X)] \\ \text{Specificity}(X) &= TN(X) / [FP(X) + TN(X)] \end{aligned}$$

$$X_i \in \{0,1\}$$

式中： $w_1 + w_2 = 1$ 并且 $w_1 > w_2$ ；*Sensitivity* 为敏感性率；*Specificity* 为特异性率，检测的敏感性和特异性之和为 1；*TP* 为真阳性；*FP* 为假阳性；*FN* 为假阴性；*TN* 为真阴性； w_1 和 w_2 分别为敏感性和特异性的权重参数，它们是 $[0,1]$ 之间的实数； f 为 $[0,1]$ 之间的实数； X 为特征组合。

2.3 基于改进 GA 和 SVM 的求解模型

首先，定义染色体；染色体为 0-1 二进制串，其长度为所提取特征序列的个数 R 。1 表示该特征被选中，否则为没有被选中。其次，设定初始种群；随机生成长度为 R 的染色体 N 个，作为初始种群的个体；为了保证种群中个体的多样性，本例中取 $N = 80$ 。再次，设计适应度函数；适应度函数与 SVM 训练出的分类器的性能有关，其中包括敏感性和特异性；定义适应度函数为式 (2-1) 模型中的目标函数。在分类效果相同的情况下，特征组合中所含特征数越多，训练模型就越复杂，越容易引起过拟合问题。当两个染色体的适应度函数值相等时，染色体中所含被选中的特征个数少的优于所含被选中的特征个数多的染色体。然后，确定遗传算子产生下一代染色体；利用轮盘赌的方式选择适应度高的染色体并复制到中间种群，中间种群由概率 $p_c = 0.1$ 的“一点交叉”和概率 $p_m = 0.05$ 变异生成下一代种群。最后，设定终止条件。当 GA 的迭代次数等于最大迭代次数 100 时，程序终止。为了得到更优的解，加入了一个基于深度邻域的新改的方法。对于每一代的最好解 $C_b = \{\dots, 1, \dots\}$ ，通过变异每一位基因，同时其他基因保持不变得到新的个体 $C_c = \{\dots, 0, \dots\}$ ，如果 $f(C_c) > f(C_b)$ 时，更新 C_c 为当前代的最好的解 C_b 。SVM 是基于统计学习理论的 VC 维 (Vapnik Chervonkiss Dimension) 理论和结构风险最小原理 (Structural Risk Minimization Principle, SRM)^[15]，通过解决一个线性二次规划问题来求解决策面，目标是找到训练错误和泛化能力的平衡点。这也使得 SVM 方法比基于经验风险最小化 (Empirical Risk Minimization Principle, ERM) 的人工神经网络等方法具有更好的泛化能力。SVM 将非线性可分样本经非线性变换函数 (核函数) 映射到一个高维空间上，并在高维空间中构造最优分类超平面，这个超平面不但能将两类样本点正确分开，而且使分类间隔最大。SVM 的基本思想可以用图 2-2 中的两维情况说明，即实心点和空心点分别代表两类样本， H 为分类面， H_1 和 H_2 分别为过各类中离分类

线最近的样本且平行于分类线的直线，它们之间的距离叫作分类间隔 (margin)。所谓最优分类面就是要求分类面不但能将两类正确地分开 (训练错误率为 0)，而且使分类间隔最大。

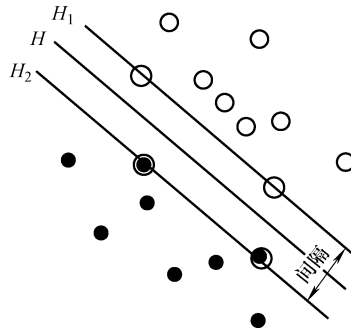


图 2-2 线性可分情况下的最优分类面

SVM 的分类决策函数为

$$f(x) = \text{sgn}\left(\sum_i a_i y_i k(x_i, x) + b\right) \tag{2-2}$$

式中： a_i 为支持向量； y_i 取 1 或 -1； b 为分类的阈值； $k(x_i, x) = \phi(x_i) \cdot \phi(x)$ 为核函数。

这里的分类器类型用的是 C - SVM，核函数包括有多项式核函数、高斯径向核函数和多层感知器核函数，这里用的是高斯径向核函数 (RBF, Radial Basic Function)^[16]，即

$$k(x_i, x_j) = \exp(-\gamma \|x_i, x_j\|^2) \quad \gamma > 0 \tag{2-3}$$

式中： γ 通常取构造分类器训练样本的总个数的倒数。

SVM 分类器有一个缺点，就是当训练样本集中的两类样本的数目相差很大时，分类结果总是偏向样本数目较大的类。为了避免这一问题，本书用相同数目的样本来训练分类器，而分类器的程序实现是基于 LIBSVM^[17] 完成的。

2.4 基于 SS 和 SVM 求解模型

在分散搜索 (SS, Scatter Search) 算法中，解的编码表示和上节中改进 GA 算法的染色体相同。其具体步骤如下：

- 1) 随机产生 P Size (P Size = 100) 个解组成初始种群 P ，并按照解的

适应度从大到小的顺序对 P 中的解排序。

2) 从种群 P 中取前 b_1 个解 ($b_1 = 6$) 加入参考集 RefSet, 并从 P 中去除这些解。

3) 对 P 中的各个解分别求到参考集 RefSet 中解的最小距离, 选择该最小距离最大的解加入参考集 RefSet, 并从 P 中去除这些解。重复这个过程 b_2 次 ($b_2 = 4$), 使得参考集 RefSet 的规模达到 $b = b_1 + b_2$ 。

4) 对参考集 RefSet 中的解两两交叉进行组合, 产生 90 个新解。并对新得到的解进行改进。

5) 用新得到的这些解更新种群 P , 更新时要保留参考集中的最好解。

6) 步骤 3) ~5) 重复执行 MaxIter 次。

(1) 解的组合 上面步骤中需要用到解的组合过程, 即利用输入的两个解, 产生一个新的、具有这两解共同特征的解。在具体实现时, 对于表示输入解的 2 个二进制字符串的各个位, 分 3 种情况处理: ①如果两个输入解某位对应的数值都为 1 (即都包含该特征), 则新解的相应位置取 1; ②若都为 0, 则取 0。③如果两个输入解该位的数值不一致, 则随机选取 0 或 1。

(2) 解的距离 SS 算法需要精确度量解与解之间的差异 (距离), 这里选择文献 [11] 方法度量解之间的距离, 即两解选用的共同特征个数与两解选择的特征总数之间的比。设 2 个解选择的特征组合分别为 X_1 和 X_2 , 则两解之间的距离定义为 $D(X_1, X_2) = |X_1 \cap X_2| / |X_1 \cup X_2|$, 其中, $|\cdot|$ 表示组合中包含的元素个数。

(3) 解的改进 SS 算法在迭代过程中, 需要对产生的所有解进行改进。这里采用简单的局部搜索改进方法, 即依次对解的各位取反并计算改变后解的适应度函数值, 如果提高了解的适应度函数值就接受改变, 否则该位改回原值。

2.5 基于改进 GA 和 SVM 模型及其应用

本节以人体肺部图像中的肺结节检测为例, 将基于改进 GA 和 SVM 模型应用在图像区域检测中。图 2-3 是肺结节检测的计算框架, 包括两个单元, 提取结节“候选点”和去假阳。提取结节“候选点”单元的功能有: 肺实质分割、基于 Hessian 矩阵的圆点滤波器提取结节“候选点”、自适应地选取感兴趣区域 (VOI)、基于区域生长分割 VOI 中待判断的物体。去假阳单元的功能有: 提取待判断物体的特征、基于改进 GA 和 SVM (或

者基于 SS 和 SVM) 选择最优的特征组合 (或者基于 SS 和 SVM 选择最优的特征组合)、用最优特征组合训练出的 SVM 分类器判断 VOI 中的物体是否为结节。

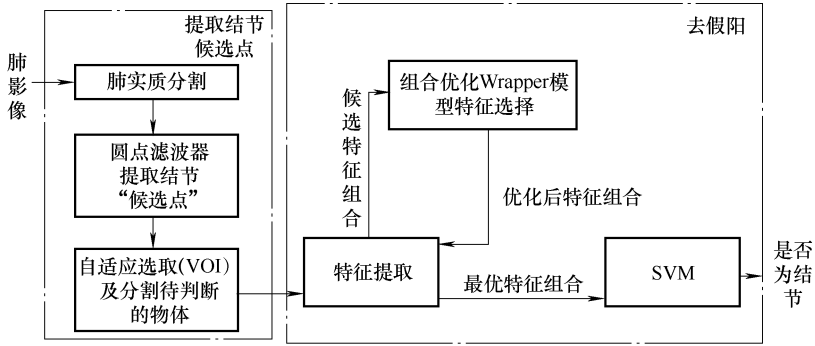


图 2-3 肺 CAD 系统中的结节检测框架

2.5.1 肺分割

首先,进行肺分割,把肺实质区域提取出来,肺结节检测只需在肺实质区域中进行。肺实质区自动分割的方法主要包括迭代阈值法、区域生长法、最优路径法和曲率法。本节介绍的肺实质分割方法可自动、快速、准确地分割出肺实质区域,主要包括以下步骤:CT 图像迭代阈值分割、区域生长和连通性排除肺外区域、剔除气管、填充内部空洞和剔除肝脏、左右肺精确分离和基于曲率肺区域修补等。图 2-4a 是肺 CT 影像,图 2-4b 是肺实质区域分割结果。

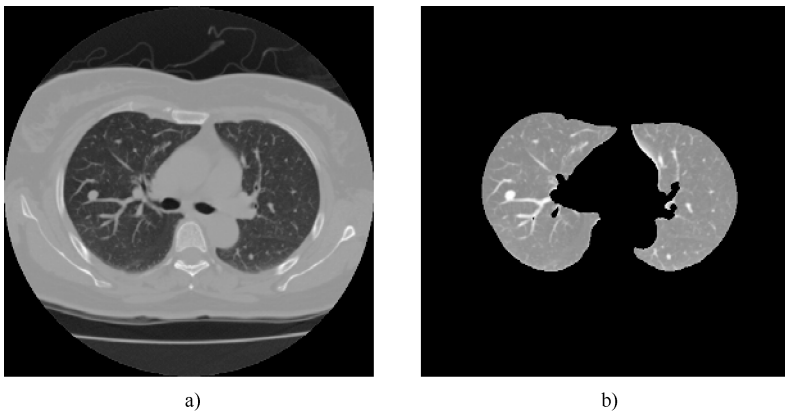


图 2-4 肺 CT 影像与分割肺实质区域结果
a) 肺 CT 影像 b) 分割肺实质区

2.5.2 自适应感兴趣区域获取

用迭代阈值法得到肺实质区域中的高亮区域 H ，图 2-5a 表示肺高亮区域的轮廓。再在高亮区域中用圆点滤波器增强具有圆形结构的像素点，这些像素点作为结节的“候选点”集合 $S \subset H$ ；图 2-5b 为肺结节“候选点”。这样做的好处是提高速度，如果在肺实质中所有像素都计算 Hessian 矩阵的特征值，那么算法的速度是医生无法忍受的。在 S 中进行 26-邻域的连通区域生长得到多个候选区域的中心点集合 C 。对于每个候选区域提取正确特征的前提是自适应地选择该中心点的感兴趣体的尺寸，如果待判断物体的感兴趣体的尺寸不对，计算出来的特征值就不能很好地反映待判断物体的特性。对于集合 C 中的元素 $c \in C$ 其感兴趣体是以 c 为中心，它的尺寸从初始的 $3 \times 3 \times 3$ （像素个数）逐步扩大，直到感兴趣体中高亮区域的个数占总感兴趣体像素个数的比率小于给定阈值 r 。而阈值 r 与“候选点”个数成正比， r 是 $0 \sim 0.5$ 之间小数。由于结节中是高亮区域的像素个数

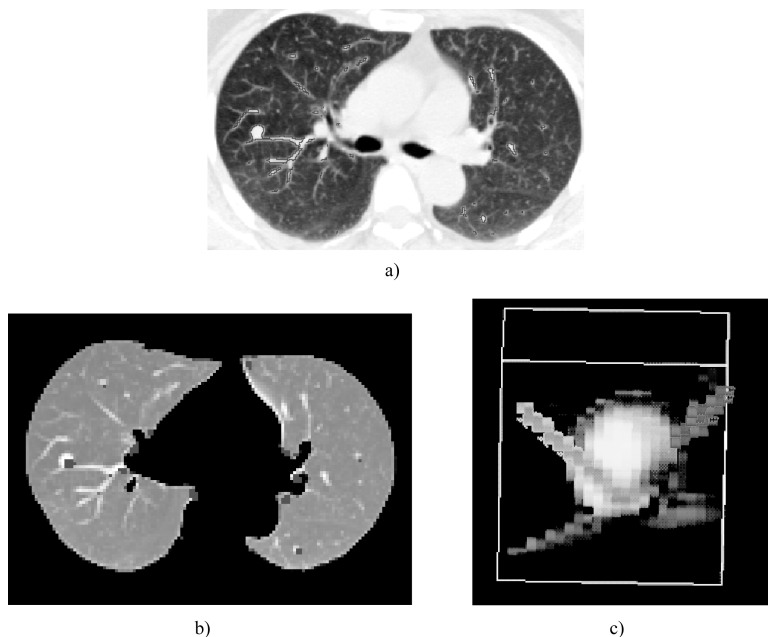


图 2-5 获得自适应 VOI

a) 高亮区域 b) 结节“候选点” c) 结节 VOI

多，即使阈值 r 较大，最后也能得到一个适合的结节感兴趣体，不至于因感兴趣体太小而不能包含整个结节。由于血管交叉点和端点处属于高亮区域像素个数少，即使阈值 r 较小，最后也能得到一个适合的血管感兴趣体，则不至于因感兴趣体太大而包含许多与检测血管无关的物体影响判断。图 2-5c 是一个粘连血管型结节三维可视化的结果，白色框为感兴趣体，中间的球状物体为结节，周边管状物体为血管。设 W_c^k 是以 c 为中心第 k 次迭代的感兴趣体尺寸， r_c^k 是以 c 为中心第 k 次迭代感兴趣体中高亮区域的个数占总感兴趣体像素个数的比率，则有

$$r_c^k = \frac{\#\{x \in W_c^k \mid x \in H\}}{k^3} \tag{2-4}$$

2.5.3 特征提取

对于粘连血管型结节，通常希望只提取结节部分特征，这就需把血管和结节大致分割开。但是由于血管和结节的 CT 值很相似，精确地分割需要过于复杂的方法，而带约束的区域生长方法能够做到只生长出结节的区域而不进入血管区域。首先，对 S 中的每个 26 领域的连通区域计算均值 μ 和方差 σ 。然后，在初始候选区域的基础上逐渐向外扩张，进行带约束的区域生长，得到新区域 S_{next} 。区域生长的条件是：①该像素属于初始候选区域像素的 4 邻域。②该像素的 CT 值大于 $\mu - 2\sigma$ 而小于 $\mu + 2\sigma$ 。并计算 S_{next} 的均值和方差。重复上述过程 4 次，最后得到的区域能被视作粘连血管型结节的结节部分，可以看到分割结果没有渗透到血管区域中，如图 2-6 所示。图 2-6a 为初始结节的候选区域，图 2-6b 为约束区域生长后的扩展区域，图 2-6c 为 VOI 中待判断物体的区域，即 VOI 中的高亮区域。

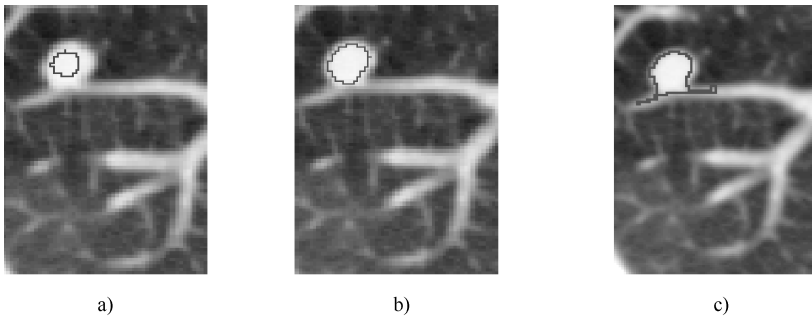


图 2-6 特征提取的 3 个区域

a) 初始结节的候选区域 b) 约束区域生长出的扩展区域 c) VOI 中待判断物体的区域

计算图 2-6 中 3 个区域的均值、方差、CT 最大值、CT 最小值和像素个数，共 15 个特征。VOI 中待判断物体区域的紧凑度、球形、最小长短轴比率和对比度，作为第 16 ~ 19 个特征。紧凑度被定义为待判断物体的内切球半径/外接球半径。球形表示待判断物体与其等体积球的重叠度。最小长短轴比率是 VOI 中待判断物体 X 、 Y 、 Z 方向上长度任意两者间比例的最小值。上述 3 个特征，当待判断物体是球时，取值为 1，其他形状属性值为 0 ~ 1 的小数。对比度定义为带约束区域生长出的区域灰度平均值与 VOI 中待判断物体灰度平均值的比率。

通过用服从高斯分布的球来模拟结节及用服从高斯分布的圆柱来模拟血管，由于圆柱的各个层面像素个数变化都较小，而球在各个层面上的像素个数变化是先由小变大再变小的，则提出一个新的特征作为第 20 种特征；计算 VOI 中待判断物体在 XY 、 YZ 和 XZ 方向上各层像素个数的方差，取其三者的最小值，如图 2-7 所示。



图 2-7 各层像素个数变化特征
a) 结节各层像素个数变化情况 b) 血管各层像素个数变化情况

用服从高斯分布的球和服从高斯分布的圆柱的混合分布来模拟粘连血管型结节；用 2 个服从高斯分布的圆柱的混合分布来模拟“X”形血管交叉处；用 3 个服从高斯分布的圆柱的混合分布来模拟“Y”形血管交叉处，粘连型结节的内切球像素个数/粘连型结节总像素个数的值会远远大于交叉血管的内切球像素个数/交叉血管总像素个数的值。当 VOI 中待判断物体是球时，取值为 1，其他形状特征值为 0 ~ 1 的小数。粘连型结节的内切球像素个数/VOI 总像素个数的值会远远大于交叉血管的内切球像素个数/VOI 总像素个数的值。图 2-8 解释了上述 2 个新特征（其中， R_{mi} 为内切圆的半径），这 2 个特征为第 21、第 22 种特征。

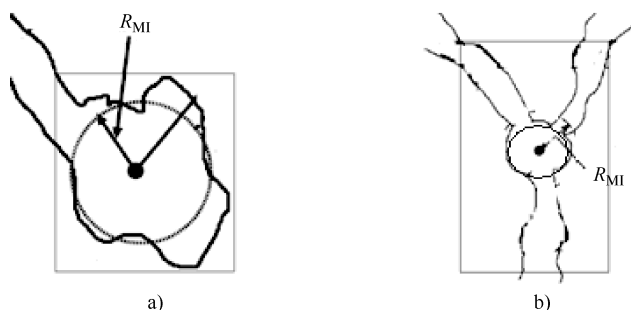


图 2-8 内切圆特征

a) 粘连血管型结节 b) Y形血管交叉

2.6 实验结果及分析

2.6.1 实验数据

数据集来源于广州医学院第一附属医院。共有 64 套 CT 病例影像数据，层厚为 2~3mm，内含有结节共 136 个（包含粘连血管型结节 54 个，孤立型结节 82 个），结节的直径大于 3mm 但小于 3cm。依据两位医生共同给出的“金标准”，基于圆点滤波器的“候选点”提取算法提取出 6253 个假阳。分类器的训练集由 21 个结节和 21 个假阳构成，而用于特征选择的测试集由 9 个结节和 439 个假阳所构成；分类器的测试集由全部的 136 个结节和 6253 个假阳组成。实验环境和测试平台都和第 2 章的相同。

2.6.2 参数的选取

1. GA 算法参数的选取

在进化过程中，改进 GA 通过训练数据 (21 + 21) 和用于特征选择的测试数据 (9 + 439) 建立的 SVM 分类器来评估每个染色体（即一个备选的特征组合）的分类效果，改进 GA 算法的总迭代数设为 100。

从表 2-1 中可以看出，当权重参数 [见式 (2-1) 释义] $w_1 < 0.5$ 时，算法敏感性差，这就使得训练后的分类器漏检率高；当权重参数 [见式 (2-1) 释义] $w_1 > 0.9$ 时，算法特异性不好，这就使得训练后的分类器假阳率高，所以改进 GA 的评估函数的权重参数被设为 $w_1 = 0.7$ ， $w_2 = 0.3$ 。

表 2-1 权重参数 w_1 和 w_2 的不同取值对敏感性和特异性的影响

w_1	0.00	0.10	0.40	0.50	0.70	0.90	1.00
w_2	1.00	0.90	0.60	0.50	0.30	0.10	0.00
敏感性	0.14	0.93	0.93	1.00	1.00	1.00	1.00
特异性	1.00	0.99	0.99	0.96	0.96	0.96	0.42

2. SS 参数

在产生参考集时, N_1 和 N_2 分别为评估函数值好的解的个数和分散性好的解的个数。从表 2-2 可以看出, N_1 和 N_2 取不同值时, 对于最后的最优解有一定影响。本节采用 $N_1 = 6$ 、 $N_2 = 4$ 。

表 2-2 N_1 和 N_2 的不同取值, 敏感性和特异性的变化趋势

N_1	3	4	5	6	7
N_2	7	6	5	4	3
敏感性	1	1	1	1	1
特异性	0.986	0.986	0.983	0.986	0.979
评价函数值	0.996	0.996	0.995	0.996	0.994

2.6.3 实验结果及讨论

1. 特征选择算法结果及讨论

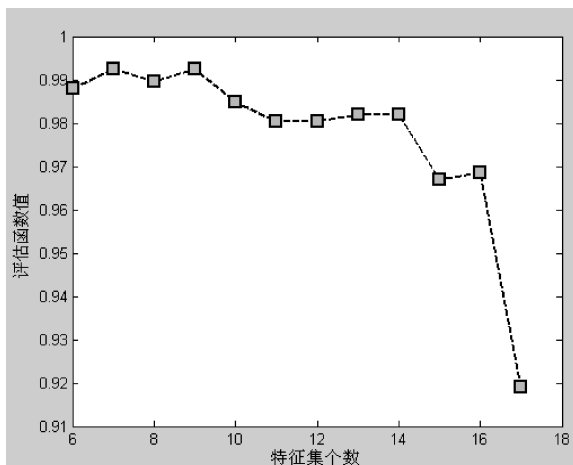
表 2-3 为传统 GA、改进 GA、SS 性能比较。图 2-9 是传统 GA 和改进 GA 中, 特征集个数与评估函数对应关系曲线图。图 2-10 是传统 GA 和改进 GA 中, 迭代次数与评价函数对应关系曲线图。

表 2-3 传统 GA、改进 GA、SS 性能比较

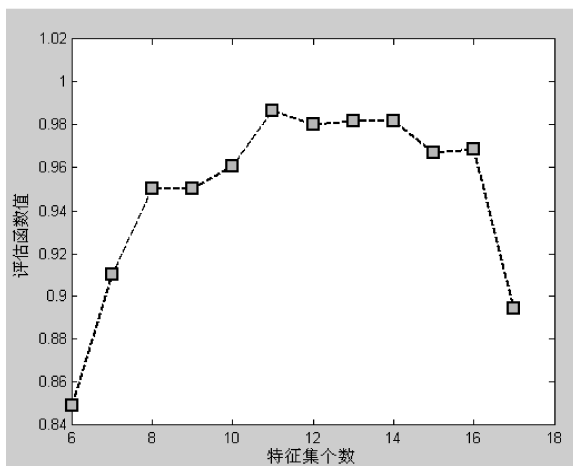
项 目	传统 GA	改进 GA	SS
最优特征组合	10100000101001101110110	1000000000101000110110	10110101001010000000110
特征个数	11	7	8
敏感性	100.00%	100.00%	100.00%
特异性	95.60%	97.50%	98.60%
时间	292s	359s	151s

从表 2-3 中可以看出, 改进 GA 比传统的 GA 虽然搜索解的时间更长, 但搜索的解更优 (特异性更好)。SS 算法比改进 GA 搜索解的时间短, 同时搜索的解更优 (特异性更好)。说明改进 GA 和 SS 算法起到了作用, 也

验证了当特征不独立时，类别可分离判据不具有可加性。同时，最优解中包含用于区分血管端点和孤立型结节的新提出的计算 VOI 中待判断物体在 XY、YZ 和 XZ 方向上各层像素个数的方差，取其三者最小值的特征；还包括用于区分血管交叉点和粘连血管型结节的新提出的计算内切球像素个数/待判断物体总像素个数的特征，表明这两种新提出的特征的必要性和有效性。虽然训练分类器的时间较长，但是因是在离线状态下进行的，故



a)



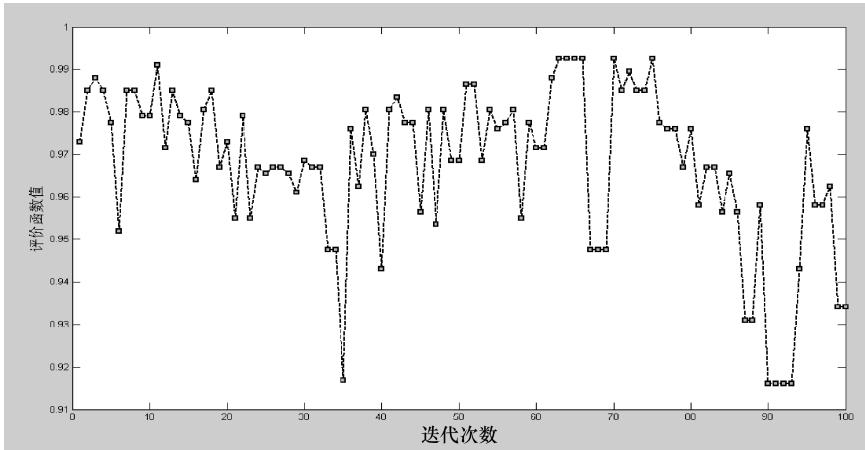
b)

图 2-9 传统 GA 和改进 GA 中，特征集个数与评估函数值对应关系

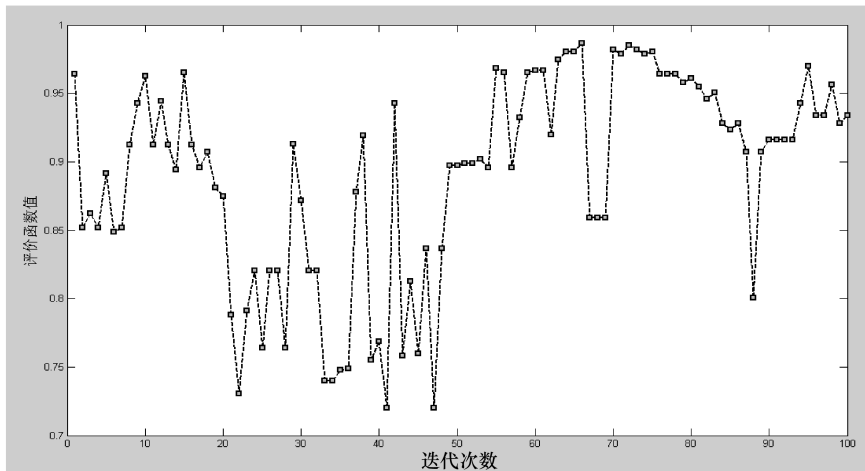
a) 改进 GA b) 传统 GA

测试时间仍在医生可以忍受的范围内。

从图 2-9 中可以看出，改进 GA 在用较小特征个数就能得到比传统 GA 还要好的效果。进一步验证了，如果特征集中的各个特征都相互独立，特征集合的个数越多，识别效果越好；如果特征集中的各个特征不相互独立，或者相关性强，特征集合的个数就不一定越多越好。从图 2-10 中可以看出，改进 GA 经过更少的迭代次数就能搜索到最优解。



a)



b)

图 2-10 传统 GA 和改进 GA 中，迭代次数与评价函数值对应关系

a) 改进 GA b) 传统 GA

2. 检测效果及讨论

对图 2-5a 的肺内高亮区域做圆点滤波器操作后，产生了太多的候选点，为下一步的去假阳操作增加了负担，也使得去假阳算法的速度慢。因此，需要利用阈值筛掉部分“候选点”。设肺内高亮区域做圆点滤波器操作后像素最大的灰度值为 $\max Value$ ，则阈值为 $\tau = \max Value \cdot k$ ，其中 $k \in [0,1]$ 。图 2-11a、b 和 c 分别为当 $k=0.1$ 、 $k=0.15$ 和 $k=0.2$ 时肺内高亮区域进行圆点滤波器操作后的“候选点”。可以看出，对于同一个提取“候选点”算法， k 值越大，候选点就越少，也就易造成漏检；但假阳性率也少了，提取“候选点”算法的时间会变短。相反，如果 k 值越小，候选点就越多，这样就不容易造成漏检，但假阳性率又高了，提取“候选点”算法的时间则会变长。

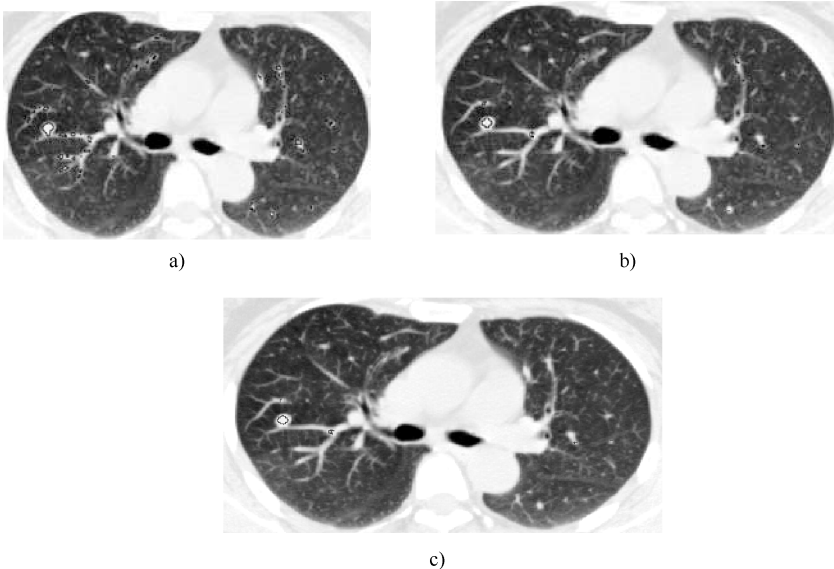


图 2-11 k 取不同值时获得的“候选点”

a) $k=0.1$ b) $k=0.15$ c) $k=0.2$

因为检测算法只包括两部分：提取结节“候选点”算法和去假阳算法，所以漏检一定是由这两部分原因造成的。而提取“候选点”导致漏检率和去假阳导致漏检率之和为 1。

“候选点”提取导致的漏检率 = “候选点”提取导致漏检结节个数 / 总的漏检结节个数。

去假阳导致漏检率 = 去假阳导致漏检结节个数 / 总的漏检结节个数。

忽略“候选点”因素敏感性 = (算法检出结节个数 + 提取“候选点”导致漏检结节个数 × 去假阳导致漏检率) / 总结节个数。该属性是为了衡量检测算法去假阳部分的效果是否和提取结节“候选点”算法有关。

基于表 2-4 中的实验结果，可以进行如下讨论：

1) 由于该算法是用来辅助医生检测肺结节的，医生还要对于算法检测出来的每个结节做出最后的结论。所以，医生更倾向于漏检率低的算法，即 $k=0.15$ 的效果（比 $k=0.2$ 的效果）更是医生需要的。

2) 通过分别分析 $k=0.15$ 和 $k=0.2$ 的敏感性、假阳个数（套）和运行时间，得知 k 值越小，“候选点”的个数就越多，敏感性就越好，漏检率越低，假阳个数（套）也就越多，运行时间也越长；反之亦然。所以，检测算法需要取得敏感性和假阳个数（套）的平衡点。当然，如果 k 值太小，假阳过多，也会给医生带来负担。

3) 从 $k=0.15$ 和 $k=0.2$ 的忽略“候选点”因素敏感性这一属性值基本相同可以看出，该检测算法的去假阳部分算法的效果与提取结节“候选点”数量这个参数无关。也就是说，该检测算法的去假阳部分算法的效果与提取结节“候选点”算法无关。从 $k=0.15$ 和 $k=0.2$ 的提取“候选点”导致漏检率和去假阳导致漏检率的属性值，说明要想同时提高敏感性和特异性，需要从更好的提取结节“候选点”算法和去假阳算法出发，而不是单纯的调节“候选点”数目这一参数。

表 2-4 取不同 k 值时，评价指标值

项 目	$k=0.2$	$k=0.15$
候选点的个数/个	4869	6253
检出结节的个数	104	110
敏感性	76.5%	80.9%
假阳数/个（套）	0.97	1.50
提取“候选点”导致漏检率	66.7%	42.8%
去假阳导致漏检率	33.3%	57.1%
忽略“候选点”因素敏感性	86.9%	85.2%
平均耗时/s	84.87	121.05

对于每个漏检的结节，分析其中的原因如下：①结节体积小并且结节上的像素 CT 值暗（在 -500Hu 以下），造成圆点滤波器没有滤出该结节，8 个漏检结节属于这一种原因；②扁平椭圆状的结节，跨度仅两层且各层像素个数的方差小，不满足第 20 种特征，这种原因造成 8 个结节漏检；

③如果粘连血管型结节上的像素 CT 值暗（在 -500Hu 以下），造成粘连血管型结节初始候选区域小，就会使得 VOI 过大，第 21 种特征取值过小，从而和血管交叉点相混淆，10 个漏检结节属于这种原因。

从表 2-5 可以看出，飞利浦产品的敏感性虽然高达 100%，但是特异性过低，造成假阳个数太多。GE 产品的优点是不但能检测出实心结节而且还能检测出 GGO 结节。通过比较，综合考虑测试数据量、敏感性和假阳个数（套），本章算法都达到了最好的状态。

表 2-5 本章检测算法与各产品比较

产品算法	数据库描述	敏感性	平均特异性
飞利浦 ^[9]	25 位病人, 38 套影像, 52 个实心结节	100.0%	56.4%
GE ^[18]	50 位病人, 35 个实心结节和 8 个 GGO	69.8%	每套影像 8.3 个假阳
西门子 ^[19]	20 位病人, 135 个实心结节	76.3%	每套影像 0.6 个假阳
本章算法	64 套病例, 136 个实心结节	80.9%	每套影像 1.5 个假阳

该算法不但可以检测出体积较大的结节（如直径在 $1 \sim 3\text{cm}$ 之间），对于体积较小的结节（如直径在 1cm 之下）也是敏感的。该算法不但能检测孤立型结节还能检测粘连血管型结节（图 2-12 ~ 图 2-15）。图 2-12 中

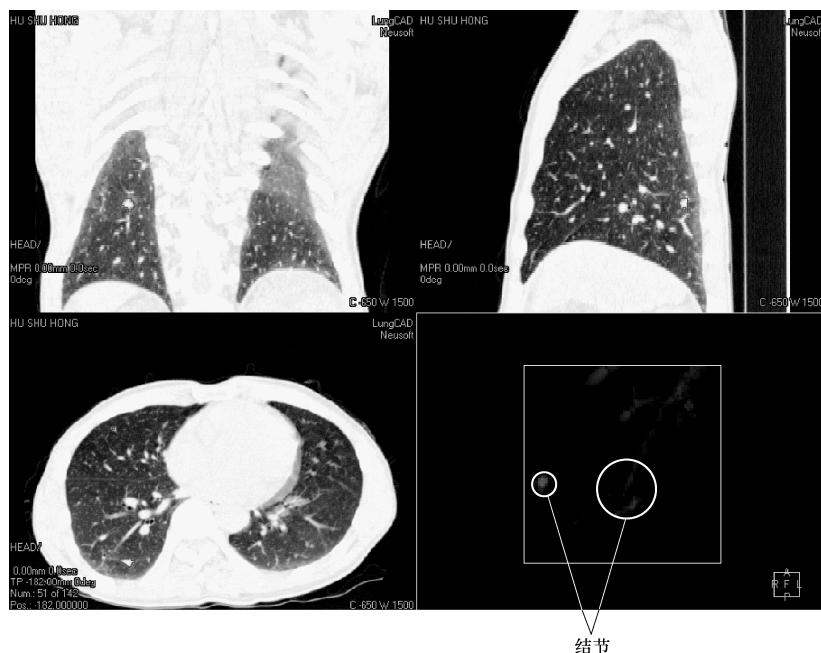


图 2-12 体积较大结节的检测结果

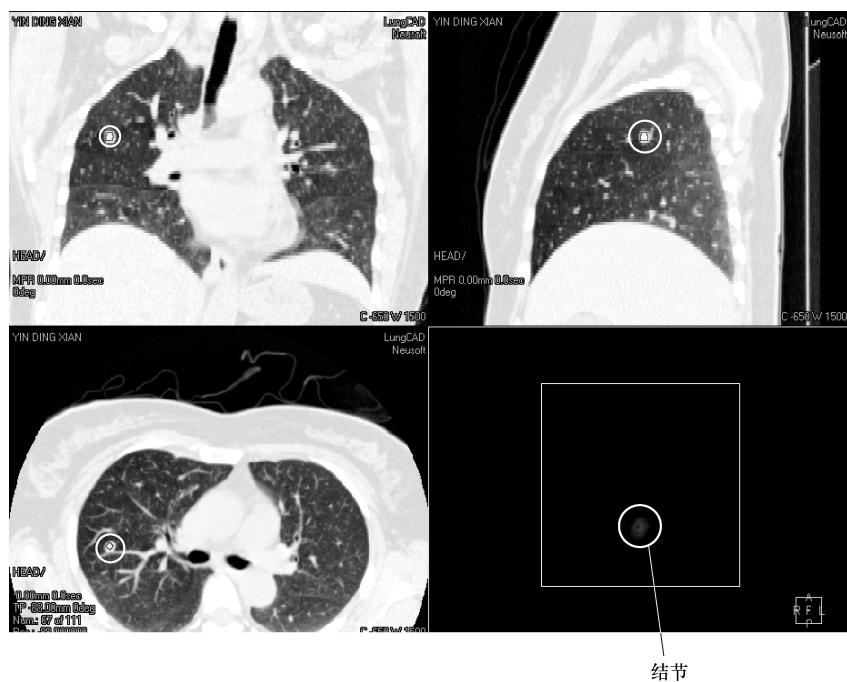


图 2-13 粘连血管型结节检测结果



图 2-14 孤立型结节检测结果

的结节为体积较大的粘连血管型结节，图 2-13 中的是粘连血管型结节，图 2-14 中为孤立型结节，图 2-15 中为粘连血管型小结节。图 2-12 ~ 图 2-15 中各个图的左上、左下和右上分别为冠状面、横断面和矢状面视图，圈标示为结节。右下为三维可视化视图结果，枝状代表血管，团状代表结节。

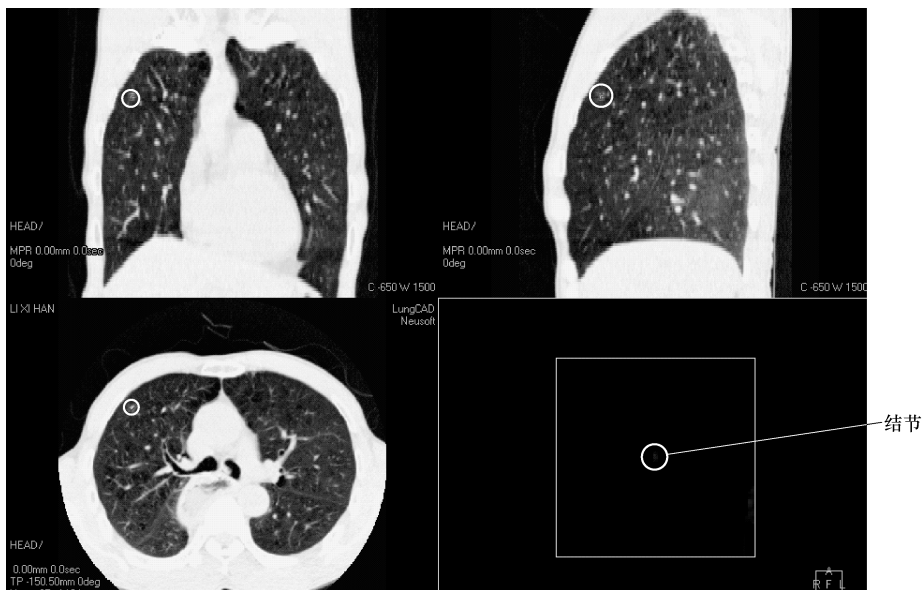


图 2-15 小体积结节检测结果

第 3 章 基于多尺度和 Mean-Shift 的 分割方法研究

3.1 多尺度层次聚类方法

多尺度方法是层次聚类的代表方法。多尺度聚类方法^[20]是一种模拟人类视觉系统的聚类方法，如当人类看远处的景物时，只能看清楚大概的轮廓，也就相当于用一个大尺度高斯模板平滑远处的景像，把远处的景物都认为属于同一个聚类中心；当人类看近处的景物时，只能注意细节，也就相当于用一个小尺度高斯模板平滑近处的景像，把近处的不同景物按照不同特征归宿到不同的聚类中心。每个像素开始时都为一个簇，当用不同的尺度平滑图像时，随着尺度的变大，小的簇逐渐合并为大的，直到整幅图像。多尺度层次聚类方法的聚类过程如图 3-1 所示。

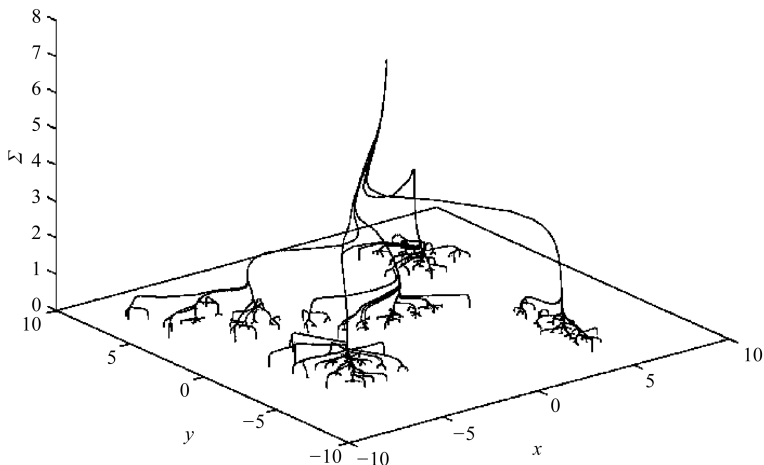


图 3-1 多尺度层次聚类树

1. 多尺度理论

多尺度层次聚类方法是基于多尺度理论实现的。其图像和高斯核函数

卷积的式为

$$P(x, \sigma) = p(x)g(x, \sigma) = \int p(x - y) \frac{1}{(\sigma^2 2\pi)} \exp\left(-\frac{\|y\|^2}{2\sigma^2}\right) dy \quad (3-1)$$

式中: $p(x)$ 为图像信号; $g(x, \sigma) = \frac{1}{(\sigma \sqrt{2\pi})^2} \exp\left(-\frac{\|x\|^2}{2\sigma^2}\right)$ 。

对于 $p(x)$ 的极大值 $y \in R^2$, 则区域 $B_y = \{x_0 \in R^2; \lim_{t \rightarrow \infty} x(t, x_0) = y\}$, 其中, $x(t, x_0)$ 为梯度动态系统, t 为时间状态:

$$\begin{cases} dx/dt = \nabla_x P(x, \sigma) \\ x(0) = x_0 \end{cases} \quad (3-2)$$

式中: y 为 B_y 的聚类中心, 图像 $p(x)$ 中的每个像素点对应一个聚类中心。

如果由概率密度函数 $p(x)$ 产生的样品集, 每个连通的簇对应相对高密度概率, 各簇间的边界对应相对低密度概率。 $P(x, \sigma) = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \frac{1}{(\sigma \sqrt{2\pi})^2} \exp\left(-\frac{\|x - x_i\|^2}{2\sigma^2}\right)$ 也可以被看作是高斯窗函数的 Parzen 估计。

根据式 (3-2) 可得到差分方程为

$$\begin{cases} x(n+1) = x(n) + \frac{h}{\sigma^2} \frac{\sum_{i=1}^N (x_i - x(n)) \exp\left[-\frac{\|x(n) - x_i\|^2}{2\sigma^2}\right]}{\sum_{i=1}^N \exp\left[-\frac{\|x(n) - x_i\|^2}{2\sigma^2}\right]} \end{cases} \quad (3-3)$$

当步长 $h = \sigma^2$ 时, 得到式 (3-4)。

2. 步骤

1) 先给定一系列尺度 $\sigma_0, \sigma_1, \dots$, 且设 $\sigma_0 = 0$ 时每个像素为一个簇, 即聚类中心为像素本身。

2) 由于尺度 σ_i 平滑后的图像的聚类中心是由尺度 σ_{i-1} 平滑图像得到的, 则 $\sigma_i - \sigma_{i-1} = k\sigma_{i-1}$ 。假设, $x(n)$ 为尺度 σ_{i-1} 平滑图像的聚类中心, 有

$$x(n+1) = \frac{\sum_{i=1}^N x_i \exp\left[-\frac{\|x(n) - x_i\|^2}{2\sigma_i^2}\right]}{\sum_{i=1}^N \exp\left[-\frac{\|x(n) - x_i\|^2}{2\sigma_i^2}\right]} \quad (3-4)$$

式中: $x(n+1)$ 为尺度 σ_i 平滑图像的聚类中心, 并合并具有相同聚类中心

的聚类子集为新的聚类子集。

3) 如果当前聚类子集的个数等于或多于 2 个, 则 $i = i + 1$, 应重新执行第 2) 步; 否则, 停止。

3. 定义

聚类簇的生命期是指该簇从形成到消失 (被合并到其他簇中) 所经历的尺度范围。

4. 定理

生命周期为宽尺度范围的聚类簇比窄尺度范围的聚类簇更可能为真实物体。

由此可知, 聚类有效性的依据是生命周期长的聚类簇通常对应于真实的物体。

3.2 均值漂移算法

均值漂移算法^[21]来源于核密度非参数估计理论, 它是基于模式识别中的 Patten 窗技术。非参数估计则是从样品集出发对密度函数进行估计, 它不需要任何先验知识, 且对任何形状的分都有效。其基本思想是: 通过反复迭代搜索特征空间中样品点最密集的区域, 搜索点沿着样品点密度增加的方向“漂移”到局部密度最大点, 即密度梯度为 0 的点。如果 2 个样品点搜索到同一个局部密度最大点, 则说明该 2 个样品点属于同一个聚类簇。均值漂移算法中任一样品点寻找聚类中心的过程如图 3-2 所示。

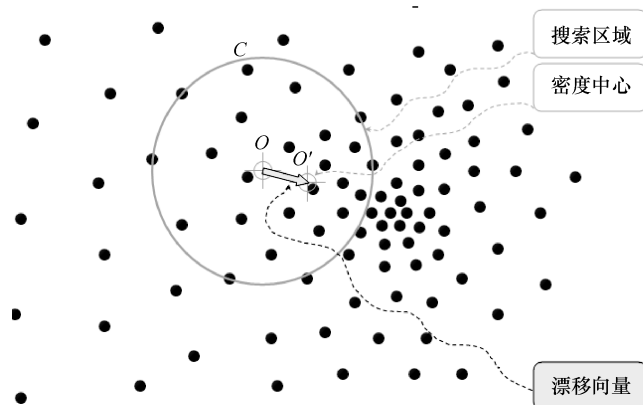


图 3-2 均值漂移搜索局部密度最大点的过程

1. 均值漂移理论

假设 n 个样品点 $x_i, i=1, \dots, n, x_i \in R^d$, 依据 Patten 窗理论, 密度函数式为

$$f(\hat{x}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n K_H(x - x_i) \quad (3-5)$$

式中: $K_H(x) = |\mathbf{H}|^{-1/2} K(\mathbf{H}^{-1/2}x)$ 为多变量核函数; \mathbf{H} 为 $d \cdot d$ 维的对称正交矩阵。

当 $K(x) = c_{k,d} k(\|x\|^2)$ 且 $\mathbf{H} = h^2 I$ 时, 密度函数式变为

$$\hat{f}_{h,k}(x) = \frac{c_{k,d}}{nh^d} \sum_{i=1}^n k\left(\left\|\frac{x - x_i}{h}\right\|^2\right) \quad (3-6)$$

由此可知, 局部极大值是密度函数的梯度为零的点, 此时 \mathbf{H} 称为带宽参数矩阵。式中: $c_{k,d}$ 为常数。

$$\nabla \hat{f}_{h,k}(x) = \frac{2c_{k,d}}{nh^{d+2}} \left[\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{x - x_i}{h}\right\|^2\right) \right] \left[\frac{\sum_{i=1}^n x_i g\left(\left\|\frac{x - x_i}{h}\right\|^2\right)}{\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{x - x_i}{h}\right\|^2\right)} - x \right] \quad (3-7)$$

均值漂移向量为

$$\mathbf{m}_{h,G}(x) = \frac{\sum_{i=1}^n x_i g\left(\left\|\frac{x - x_i}{h}\right\|^2\right)}{\sum_{i=1}^n g\left(\left\|\frac{x - x_i}{h}\right\|^2\right)} - x \quad (3-8)$$

在上述式中, 多变量核函数 $K(x)$ 必须满足非负, 且积分为 1; 它反映的是样品点 x_i 与核中心之间距离的度量。核函数有多种, 如均匀核函数、高斯核函数、Epanechnikov 核函数、Biweight 核函数, 其中高斯核函数是最常用的核函数, 其形式为

$$K_N(x) = (2\pi)^{-d/2} \exp\left(-\frac{1}{2} \|x\|^2\right) \quad (3-9)$$

当核函数是高斯核函数时, 均值漂移向量为

$$\mathbf{m}_{h,G}(x) = \frac{\sum_{i=1}^n x_i \exp\left(\left\|\frac{x - x_i}{h}\right\|^2\right)}{\sum_{i=1}^n \exp\left(\left\|\frac{x - x_i}{h}\right\|^2\right)} - x \quad (3-10)$$

下一步迭代的密度聚类中心为

$$x(n+1) = \frac{\sum_{i=1}^n x_i \exp\left(\left\|\frac{x-x_i}{h}\right\|^2\right)}{\sum_{i=1}^n \exp\left(\left\|\frac{x-x_i}{h}\right\|^2\right)} \quad (3-11)$$

2. 步骤

对于每个样品都执行以下操作：

1) 在特征空间中，以该样品为圆心 O ，半径为带宽参数 h ，得到初始搜索区域圆 C 。

2) 在圆 C 用式 (3-10) 计算均值漂移向量 $m_{h,C}(x)$ ，该向量总是指向密度增加的方向。

3) 通过计算圆心 O 特征向量和 $m_{h,C}(x)$ 均值漂移向量之和得到新的圆心 O' 。

4) 如果均值漂移向量 $\|m_{h,C}(x)\| < \varepsilon$ ，迭代结束，确认该圆心为该样品的聚类中心。

5) 与步骤 4) 相反，则把圆心 O' 赋给圆心 O ，回到步骤 1)。当所有的样品都找到聚类中心后，就会拥有同一个聚类中心的样品属于一个聚类子集了。

3.3 均值漂移算法带宽参数选取现状

在 Mean-Shift 算法中，带宽 h 是一个重要的参数，因为它决定了参与 Mean-Shift 迭代的样本数量，并直接影响迭代速度^[22]，所以它对分割结果起着重要的作用。如果带宽参数 h 选取太小，则偏移量小，算法收敛速度很快，从而导致过分割现象；如果带宽参数 h 选取太大，则偏移量大，算法收敛速度很慢，从而导致欠分割现象。Mean-Shift 算法是基于 Patten 窗的核估计方法，核估计方法既与同样本有关，又同核函数 K 及窗宽（带宽参数） h 的选取有关。在给定样品之后，一个核估计的好坏，取决于核函数及窗宽的选取是否适当。估计函数在每个样品点 x_i 有一个“碰撞”，估计量是这些“碰撞”之和；核函数 K 确定了每个“碰撞”形状，而 h 则决定了“碰撞”的宽度。当 h 选得过大，由于估计函数经过压缩变换 h 之后，使分布的主要部分的某些特征（如多峰性）被掩盖起来了，估计量则有较大偏差；如果 h 选得过小，这个估计函数特别是尾部出现较大的干扰，从而有增大方差的趋势。因而在实际使用核函数估计时，如何选取适

当的宽度是一项很细致的工作。

目前,有两种带宽参数:固定带宽参数和可变带宽参数。固定带宽参数是指所有样品点的概率密度估计都设置为同一个带宽参数,这种带宽参数选择方法也叫作球密度估计。可变带宽参数是依据数据区域的局部特征不同,为不同的点设置不同的带宽参数,这种带宽参数选择方法为可变带宽估计也叫作采样点估计,如式(3-12)。下面的带宽参数选择定理对于这两种带宽参数都适用。基于统计分析方法的固定最优带宽参数,其评判规则是估计密度与真实密度之间的误差最小。估计误差的度量式有:均方差[MSE,如式(3-13)]、积分平方差(ISE)、积分均方差(MISE)、渐进积分均方差(AMISE)等,它们均可表示为密度估计函数的方差与其偏差平方之和的形式^[23]。通过分析发现,带宽参数越小,估计的偏差越小,而估计的方差则越大。因此应在两者之间进行折中,以保证估计误差最小。常用的带宽参数计算方法有:快速算法、交叉验证法和插入规则法。

$$\hat{f}_{\text{sample}}(X) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \frac{1}{h(X_i)^d} K\left(\frac{X - X_i}{h(X_i)}\right) \quad (3-12)$$

$$\text{MSE}(x) = E[\hat{f}(x) - f(x)]^2 = \text{Var}[\hat{f}(x)] + \{\text{Bias}[\hat{f}(x)]\} \quad (3-13)$$

$$\text{Bias}(x) = \frac{1}{2} h^2 f''(x) \int u k(u) du \quad (3-14)$$

$$\text{Var}(x) = \frac{1}{Nh} f(x) \int k^2(u) du \quad (3-15)$$

偏差和 h 的平方成正比这就意味着小的带宽参数可以获得小的偏差,然而,方差和 h 成反比这就意味着减小 h 将增大方差。偏差表明估计量对 $f(x)$ 光滑修正的程度,即一个估计量的光滑程度越高,可能更多地忽略 $f(x)$ 的某些细节,从而增加随机误差。一个核函数估计的光滑程度只与 h 有关,而与样本集合尺寸 N 无直接关系。则使 MSE 的值最小的 h 为最好的固定带宽参数。交叉验证、惩罚函数、plug-in 规则和交叉置信区间规则都属于统计分析方法,但它们的主要缺点是计算复杂,因而不适用于多变量多模式的数据处理。如 plug-in 规则中渐进式给出了作为方差和偏差估计函数的最优带宽参数;然而,该方法依赖于未知密度的拉普拉斯变换或在计算偏差时引入高阶导数,这都不适合解决实际问题。还有一种选择最优带宽参数的方法叫作交叉置信区规则^[24],即 Vladimir Katkovnik 和 Ilya Shmulevich 利用假设检验的自适应带宽参数选择的算法。设 $H = \{h_1 < h_2 < \dots < h_i\}$

为一有限带宽参数集合, 先以一小的带宽参数 h_1 开始, 确定 $f(X)$ 的置信区间 $D(1)$; 依次增大带宽参数 h , 得到概率密度置信区间序列 $D(j)$, 若

$$D(1) \cap D(2) \cdots \cap D(j) \not\subset \Phi, \text{ 且} \\ D(1) \cap D(2) \cdots \cap D(j) \cap D(j+1) \subset \Phi$$

则由 j 值确定自适应带宽参数 h_j , 并将该值作为采样点概率密度估计的核函数带宽参数。

虽然统计分析方法的可变带宽可减小估计密度与真实密度函数之间的偏差, 但仍面临比例参数难以确定的问题。选择使数据聚类结果最稳定的带宽参数, 是面向任务的带宽参数选择方法的主要思想。基于统计分析方法估计带宽参数 h 和实际图像处理的以分割为目的的带宽参数 h 的意义是不同的。基于统计分析方法估计的带宽参数 h 是为了使估计量和实际量间的误差最小, 以分割为目的的带宽参数 (窗宽) h 所反映的误差程度是由实际问题决定的, 不是估计得越准越好。即估计得准会使分割造成过分割现象, 估计得太不准了又会产生欠分割现象。图像上以分割为目的的带宽参数 h 是直接根据样本自适应地确定, 它已失去了数学上的“最佳窗宽”的原意了。

带宽参数选择定理^[25]: 假设样本服从正态分布 $N(\mu, \Sigma)$, 采用正态核函数 k_H 进行均值漂移, 当带宽参数 $h = \Sigma$ 时, 均值漂移向量 $m(x)$ 的模取最大值。

3.4 基于多尺度的带宽参数选取方法

本章提出的结节精确分割算法分为三步: 前两步是选择初始带宽参数 h_0 ; 最后一步是选取最佳带宽参数 h_b , 并将 h_b 代入到 Mean-Shift 聚类算法分割肺结节, 得到精确的结节轮廓。首先利用 2.5.2 自适应计算感兴趣体的方法得到结节的感兴趣体; 然后用 Mean-Shift 方法逐层分割结节的区域, 得到结节的精确边缘。结合面向任务的带宽参数选择方法和基于多尺度滤波聚类算法中尺度参数的选取方法, 依据从粗到细 (coarse-to-fine) 准则, 即从初始的粗尺度演变到能使实际问题分割结果最好的细尺度, 提出了一种新的自适应带宽参数选择方法。

3.5 基于多尺度和 Mean-Shift 分割在图像处理中的应用

本节用多尺度和 Mean-Shift 分割 CT 影像上的肺结节。首先，利用区域生长方法和带宽选择定理^[25]得到初始的平滑带宽参数；然后，根据实际问题的特点得到带宽参数的最大值，这样就确定了带宽参数的选择范围；再在这个范围内，依据多尺度空间滤波聚类算法中的最稳定尺度准则，选定核函数的最佳带宽参数；最后，把最佳带宽参数代入到二维 Mean-Shift 聚类算法中分割肺结节。基于频度和 Mean-Shift 肺结节分割程序框架如图 3-3 所示。

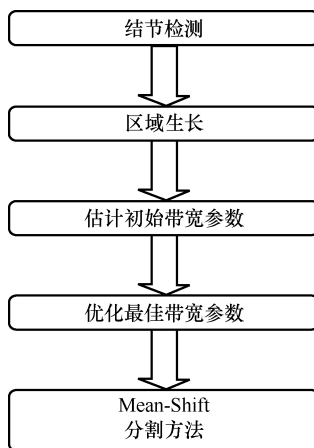


图 3-3 基于多尺度和 Mean-Shift 肺结节分割程序框架

3.5.1 初始区域的获取

按照 2.5.2 中所述，得到肺结节的感兴趣体。圆点滤波器提取结节“候选点”，用阈值 τ 两值化圆点滤波器滤波后的图像。图 3-4a 中黑色的点为结节“候选点”。圆点滤波器滤波后图像的直方图如图 3-4b 所示，假设圆点滤波器滤波后图像的直方图服从半个正态分布，自适应的阈值 τ 取圆点滤波器滤波后图像的方差，这种阈值 τ 选取方法优于第 4 章中的阈值的选取方法。对图 3-4a 中黑色的“候选点”做区域生长算法，生长出初始的区域，如图 3-4c 所示。用本章的算法分割肺结节的结果如图 3-4d 所示。

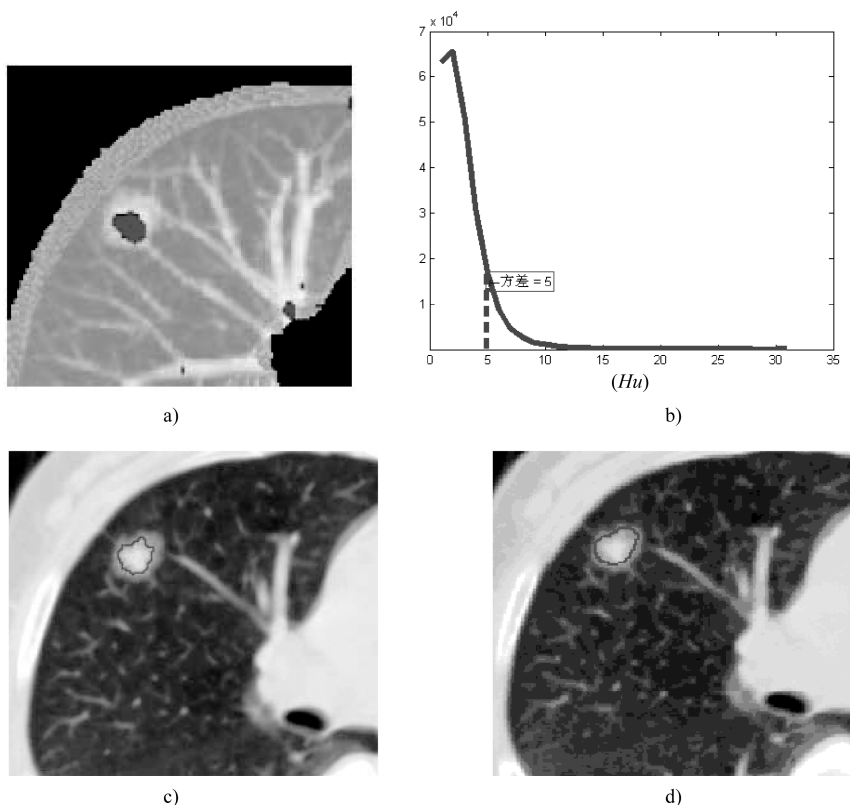


图 3-4 结节的初始区域和本章的分割结果

a) 圆点滤波器提取“候选点” b) 滤波后图像直方图
 c) 区域生长出初始区域 d) 本章算法的分割结果

3.5.2 初始带宽参数的选取

上节描述的区域生长方法还不能得到满意的分割结果，因它只把结节中较亮的部分分割出来，并没有把结节的模糊影部分包括进去。为此，需要用 Mean-Shift 聚类分割方法，其中核函数的带宽参数 h 是唯一需要确定的参数。

根据上节的区域生长的初始分割结果，确定 x 方向的初始带宽参数 h_{x0} ， y 方向的初始带宽参数 h_{y0} ，灰度的初始带宽参数 h_{r0} 。假设用区域生长法分割出的结节中心高亮度区域是服从均值为 μ ，方差为 Σ 的多变量各向异性正态分布。根据带宽参数选择定理，当结节区域在 x 方向（或 y 方

向或灰度)的直径为 d 时, x 方向(或 y 方向或灰度)的均值漂移带宽参数应为 $d/4$, 这是因为服从正态分布 $N(\mu, \sigma)$ 物体的直径等于 4σ , 因此有如下式:

$$\begin{cases} x_{\max} - x_{\min} = 4\sigma_x = 4h_{x0} \\ y_{\max} - y_{\min} = 4\sigma_y = 4h_{y0} \\ CT_{\max} - CT_{\min} = 4\sigma_r = 4h_{r0} \end{cases} \quad (3-16)$$

$$\mathbf{H}_0 = \text{diag}[h_{x0}, h_{y0}, h_{r0}] \quad (3-17)$$

式中: x_{\max} 和 x_{\min} 为上节分割出的结节初始区域中像素横坐标的最大值和最小值; y_{\max} 和 y_{\min} 为上节分割出的结节初始区域中像素纵坐标的最大值和最小值; CT_{\max} 和 CT_{\min} 分别为上节分割出的结节初始区域中像素灰度的最大和最小 CT 值。

当样本服从正态分布时, 利用带宽参数选择定理可求得带宽参数 h 。当样本不服从正态分布时, 利用基于尺度空间滤波的多尺度聚类算法选择尺度 σ 的方法来解决带宽参数选择的问题。这是因为多尺度聚类算法原理及式都与均值漂移算法相同。多尺度聚类算法依据聚类簇的生存期来确定适合实际问题的尺度参数。所谓簇的生存期, 是指簇存活的尺度范围, 即从开始形成该簇的尺度到它被其他簇合并时的尺度之间的范围。

尺度参数选择定理^[26]: 图像中对应实际物体的簇, 应能被较宽的尺度范围所感知。换言之, 拥有较长生存期的簇比拥有较短生存期的簇更容易被视觉所感知。

尺度参数选择定理说明, 在基于多尺度空间滤波的聚类算法中, 如果在 $\sigma_{\min} \leq \sigma \leq \sigma_{\max}$ 范围内, 簇有稳定(相同或相近)的像素数, 或者聚类簇的个数保持不变, 则该簇在尺度 σ_{\min} 下对应于实际物体。

3.5.3 最佳带宽参数的选取

手动调节参数的实验表明, 空间最佳带宽参数 h_{bx} 和 h_{by} 正比于结节半径, 灰度最佳带宽 h_{br} 正比于结节灰度的变化, 但不可能知道这些先验知识。用阈值区域生长方法分割结节时, 得到的分割结果往往比实际结节的尺寸小, 所以最佳带宽参数 $h_b \geq h_0$ 。处理的结节在 3mm ~ 3cm 范围内, 所以 $h_0 \leq h_b \leq h_{3cm}$ 。依据尺度参数选择定理, 给定有序离散带宽尺度集 $\{h_i | i = 1, 2, \dots, I\}$, 其中 $h_0 \leq h_i \leq h_{3cm}$, 用如下规则选择一个最佳带宽参数 h_b (其中, $h_i - h_{i-1} = kh_{i-1}$, k 是正的常数, 一般取 $k = 0.1$)。

规则 1: 设在尺度 h_p 下, 结节簇的像素个数为 C_p ; 对尺度 h_{p+1} 聚类,

结节簇的像素个数为 C_{p+1} 。则有

$$\begin{cases} \min F(h_p, h_{p+1}) = C_{p+1} - C_p \\ \text{s. t. } h_0 \leq h_p \leq h_{3cm} \end{cases} \quad (3-18)$$

规则 2: 如果 h_m 和 h_q , 都能使规则 1 达到最小值, 即 $F(h_m, h_{m+1}) = F(h_q, h_{q+1})$, 则选使结节簇像素个数最大的尺度 $h_b = \max(h_m, h_q)$ 。

规则 3: 设当尺度为 h_p 时存在结节簇中的像素 x , 如果 x 像素的 CT 灰度值 $I(x) < -750Hu$ 。则最佳带宽参数 $h_b \leq h_p$ 。

规则 1 保证选中的最佳带宽参数 h_b 能聚类出真实结节簇; 规则 2 可避免产生局部极小值; 规则 3 可避免选中使结节和正常肺组织聚到一起的尺度, 避免了欠分割现象。将选中的最佳带宽参数 h_b 代入 Mean-Shift 聚类算法, 便可得到结节簇。

3.5.4 Mean-Shift 二维分割结节过程

结节感兴趣区域中的像素映射到空间位置特征和灰度特征的联合特征空间中, $X_i = (x_i, y_i, r_i) \in R^3$ 并且 $r_i = I(x_i, y_i)$, I 表示灰度; 然后用 Mean-Shift 对感兴趣区域逐层进行聚类分割。基于高斯核的密度函数估计为

$$f(\hat{X}) = \frac{1}{n (\pi)^{3/2} |\mathbf{H}|^{1/2}} \sum_{i=1}^n \exp\left[-\frac{1}{2} D^2(X, X_i, \mathbf{H})\right] \quad (3-19)$$

$$\mathbf{H} = \text{diag}[h^x, h^y, h^r] \quad (3-20)$$

$$D(X, X_i, \mathbf{H}) = (X - X_i)^T \mathbf{H}^{-1} (X - X_i) \quad (3-21)$$

式中: \mathbf{H} 为 3×3 的对角带宽参数矩阵; D 为两个样品在特征空间上的马氏距离。

对 $\hat{f}(X)$ 求密度梯度:

$$\nabla \hat{f}(x) = \frac{1}{n (2\pi)^{3/2}} \sum_{i=1}^n \frac{\mathbf{H}^{-1}(X_i - X)}{|\mathbf{H}|^{1/2}} \exp\left[-\frac{1}{2} D^2(X, X_i, \mathbf{H})\right] \quad (3-22)$$

求得其漂移向量为

$$\mathbf{m}(X) = \frac{\sum_{i=1}^n X_i \exp\left[-\frac{1}{2} D^2(X, X_i, \mathbf{H})\right]}{\sum_{i=1}^n \exp\left[-\frac{1}{2} D^2(X, X_i, \mathbf{H})\right]} - X \quad (3-23)$$

Mean-Shift 向量总是指向密度增长最快的方向。Mean-Shift 过程通过迭代下面①、②两步, 保证收敛到概率密度估计函数梯度为 0 的点。

① 计算 Mean-Shift 向量 $\mathbf{m}(X')$;

② 平移窗口，窗口中心位置移到 X^{t+1} ， $X^{t+1} = X^t + m(X^t)$ 。

该算法迭代地分割肺结节边缘的步骤如下：

1) 初始化 ($t=0$):

① 求结节感兴趣区域，并区域生长出初始区域 R_0 ;

② 用式 (3-16) 计算初始带宽参数 h_0 。

2) 迭代 ($t=t+1$):

① 用 $h_t - h_{t-1} = kh_{t-1}$ 计算带宽参数 h_t ;

② 将 h_t 代入到均值漂移算法中分割感兴趣区域，得到区域 R_t ;

③ 如果区域 R_t 满足 3.5.3 所有规则，则最优带宽参数 $h_b = h_t$ ，转到步骤 3); 否则，再回到步骤 2)。

3) 最后，将最优带宽参数 h_b 代入到基于均值漂移算法中分割感兴趣区域，得到精确的肺结节边缘。

3.6 实验结果及分析

3.6.1 实验方案

本章的实验环境和实验平台都与第 3 章相同。本章共设计了 3 套实验，具体方案如下。

实验一：设计人造数据实验，目的是测试新分割算法的抗噪声的能力。

实验二：设计肺 CT 数据实验，目的是测试不同的带宽参数，聚类分割结果是不同的。用不同的带宽参数的 Mean-Shift 算法分割肺结节 ROI，在空间位置关系 - 灰度特征直方图上观察分割结果。

实验三：用新分割算法分割实验数据中的肺结节，分割结果与“金标准”相比较。带宽参数选择范围与文献 [27] 的带宽参数选择范围相比较。

3.6.2 人造实验数据及结果

为了验证本章分割算法抵抗噪声的能力，构造二维图像，图像是灰度值服从各向异性的高斯分布的椭圆。通过不断地给人造的图像加入噪声，并用本章算法分割被噪声污染后的图像，最后分割结果和“金标准”做比较，来测试本章算法对噪声的敏感程度。图 3-5a 是灰度服从正态分布

$N(u, \Sigma)$ 的图像, 其中 $u = [0, 0]$ 为椭圆中心, 方差矩阵 $\Sigma = \begin{bmatrix} 2 & -2 \\ 2 & 5 \end{bmatrix}$ 为椭圆的跨度。分割结果的“金标准”是图 3-5a 的 50% 置信椭圆, 如图 3-5b 所示。用不同尺度的高斯噪声 (高斯模板) 和图 3-5a 进行卷积处理已达到往图像上不断加入高斯噪声的效果。用本章算法分割受噪声污染的图像, 可以计算分割结果的错误率。图 3-5c 所示的横轴是噪声的级数, 也就是高斯尺度参数的取值; 纵坐标是分割的错误率。当高斯尺度参数为 $[0, 0.5]$ 时, 分割加入噪声后的图像错误率为 0, 即分割结果正确。随着高斯尺度的增加, 对图像的噪声污染程度也增加了, 分割错误率也越来越大。从图 3-5c 中可以看出, 当高斯尺度从 0 增加到 0.5 时, 分割结果仍然正确, 说明该算法具有一定的抗噪声能力。

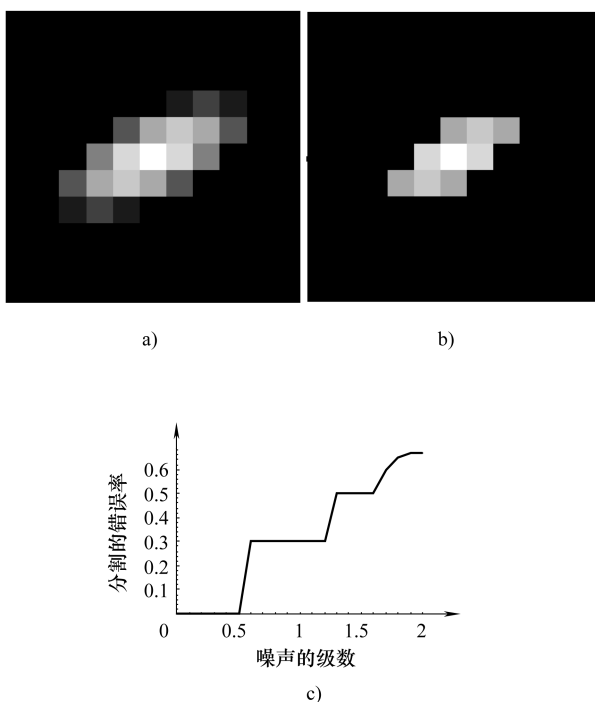


图 3-5 人造数据实验结果

- a) 2D 高斯人造椭圆 b) 分割结果的“金标准”
c) 噪声和分割错误率对应关系

3.6.3 肺 CT 影像实验数据

评估实验的 CT 数据来源于各向同性的 LIDC 数据库和各向异性的广州医学院第一附属医院数据库。共 18 个病例，36 个肺结节，共 95 幅含有结节的 CT 影像，其中：有 7 幅含有毛玻璃型结节的影像，21 幅含有粘连肺壁型结节的影像，27 幅含有粘连血管型结节的影像，40 幅含有孤立型结节的影像。

3.6.4 实验结果与讨论

图 3-6 是分析带宽参数对 Mean-Shift 分割结果的影响。可以看出，当用不适合的带宽参数时，分割结果会造成过分割和欠分割现象。图 3-6a 是图 3-6c 中的结节，图 3-6b 是图 3-6a 的灰度 - 空间位置关系二维直方图

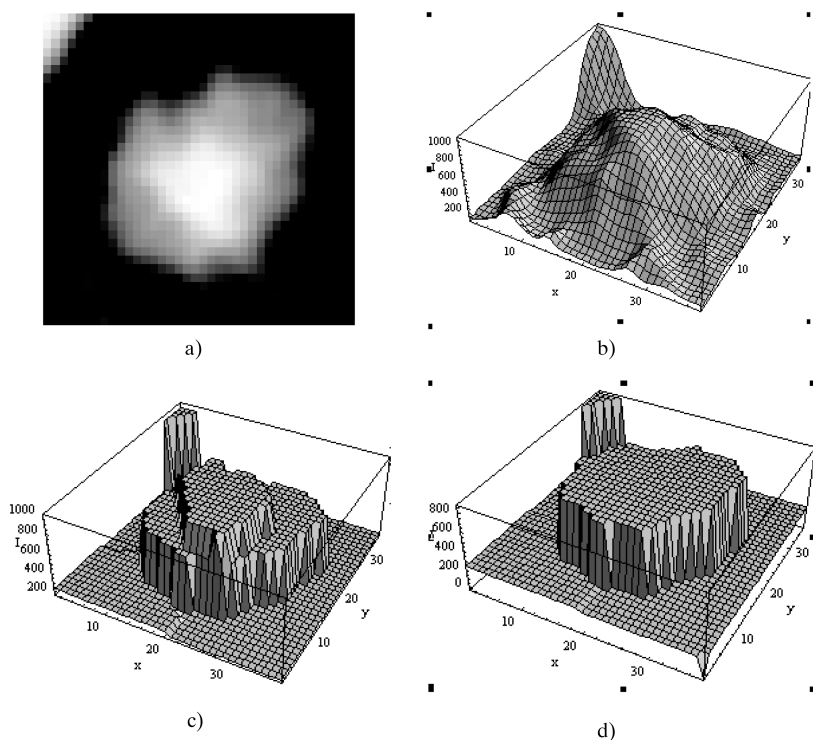


图 3-6 不同带宽参数聚类结果二维直方图

a) VOI 中的结节 b) 图 a 的二维直方图

c) 初始带宽参数分割结果直方图 d) 最佳带宽参数分割结果直方图

图, x 和 y 方向表示空间位置特征, 而 z 方向表示灰度特征。图 3-6c 是带宽参数为初始带宽参数时的分割结果, 可以看出没有把结节上的像素全部聚成一个簇, 从而产生了过分割。图 3-6d 是带宽参数为最佳带宽参数时的分割结果, 即把结节上的像素全部聚成一个簇, 显示分割结果正确。

区域生长方法的分割结果如图 3-4c 所示, 用本章算法的分割结果如图 3-4d 所示。比较图 3-4c 和 d 的结果可以看出, 传统区域生长方法只能分割结节中心的高亮区域, 却不能包含结节周围的模糊影; 而本章算法则能精确分割结节边缘, 且其结果符合医生手工勾画出的边缘。

图 3-7 是对含有不同类型结节的分割结果, 表明该算法对毛玻璃型结节、孤立型结节 (包括直径小于 5mm 的结节)、粘连肺壁型结节、粘连血管型结节都是有效的。但是对于空洞型结节该算法是无效的。

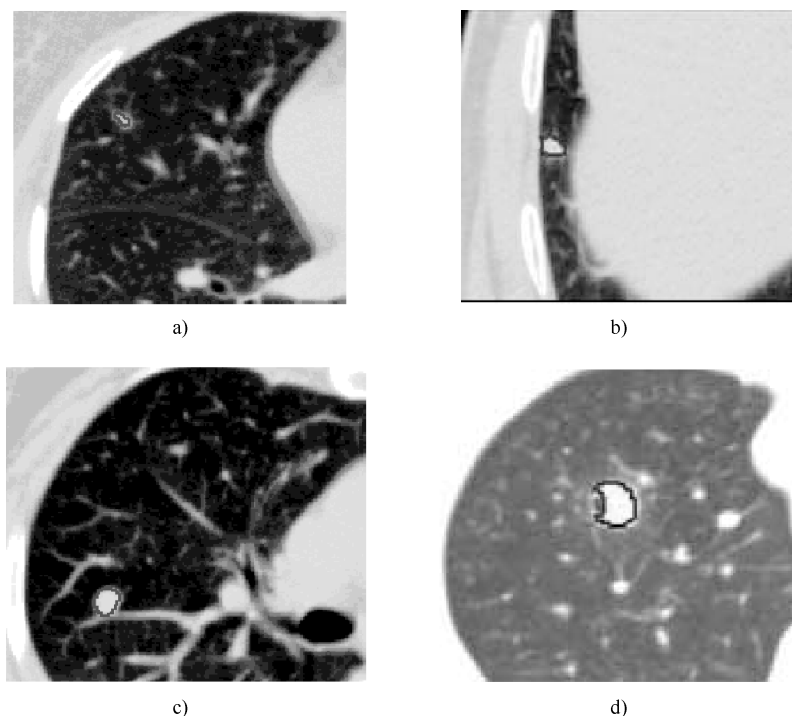


图 3-7 本章算法分割几种类型结节的结果

- a) 孤立型结节 b) 粘连肺壁型结节
c) 粘连血管型结节 d) 空洞型结节

在相同的迭代步长 $k=0.1$ 下, 本章算法分割如图 3-7 中的 4 个结节。

最佳带宽参数选择范围与文献 [27] 中算法在分割同样的这 4 个结节时, 其带宽参数选择范围的对比见表 3-1。可以看出, 本章算法大大缩小了带宽参数的选择范围, 也即减少了迭代次数。如对于图 3-7a 中的孤立型小结节, 文献 [27] 算法的最佳带宽参数选择范围为 0.5 ~ 13, 而本章算法的最佳带宽参数选择范围为 1.500 ~ 4.025, 缩小了大约四分之一。

表 3-1 带宽选择范围的对比

图 号	文献 [27] 算法	本章算法
图 3-7a	0.5 ~ 13	1.500 ~ 4.025
图 3-7b	0.5 ~ 13	1.500 ~ 10.500
图 3-7c	0.5 ~ 13	3.000 ~ 9.750
图 3-7d	0.5 ~ 13	4.250 ~ 6.825

第 4 章 基于 EM 和 Mean-Shift 的分割方法研究

4.1 期望最大算法

4.1.1 算法原理

假设样本属于聚类簇 $C_j(j=1,2,\dots,m)$ 的概率为 $P(C_j)$ ，对应各个簇的条件概率密度函数为 $p(x|C_j, \theta_j)$ ，其中 θ_j 为未知参数向量。这样由 m 类样本组成的混合密度函数可定义为

$$p(x|\theta) = \sum_{j=1}^m p(x|C_j, \theta_j)P(C_j) \quad (4-1)$$

式中： $\sum_{j=1}^m P(C_j) = 1$ ；混合概率密度的参数 $\theta = (\theta_1, \theta_2, \dots, \theta_m)$ 。

最大似然概率 (ML, Maximum Likelihood)^[26] 是参数估计的一种重要的方法，即对 n 个样本 $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ ，求出适当的参数，使联合概率密度函数式 (4-1) 取得最大值。

$$p(\{x_1, \dots, x_n\}|\theta) = \prod_{i=1}^n p(x_i|\theta) \quad (4-2)$$

其对数的形式为

$$l(\theta|\chi) = \lg \prod_{i=1}^n p(x_i|\theta) = \sum_{i=1}^n \lg \left(\sum_{j=1}^m P(C_j) p_j(x_i|\theta_j) \right) \quad (4-3)$$

通过 $(\partial l(\theta))/(\partial \theta_i) = 0$ 求得参数 $\hat{\theta} = \arg \max_{\theta} \prod_{j=1}^n p(x_j|\theta)$ 。

遗憾的是，最大似然估计法在大多数情况下不能用解析法求解，因而需要迭代的方法寻找优解。期望最大算法就是其中最常用的一种方法。

用 EM 处理“不完整”的样本，即把样本点 x_j 分为两部分， $x_j = \{x_j^g, x_j^m\}$ 。 x_j^g 表示样本， $x_j^m = (x_{j1}^m, \dots, x_{jk}^m)$ 表示丢失的数据。 x_{ji}^m 是 1 还是 0，是根据 x_j 是否属于类 i 有关^[27]。完整数据概率对数形式为

$$l(\theta) = \sum_{j=1}^N \sum_{i=1}^K x_{ji}^m \lg [P(C_i) p(x_j^g | \theta_i)] \quad (4-4)$$

用 EM 估计混合概率密度的参数时, 需要首先给出参数的初始解 $\theta^{(0)}$; 再从初始解 $\theta^{(0)}$ 开始, 迭代地得到解 $\theta^{(1)}, \dots, \theta^{(t)}$ 。在每步迭代中, 似然函数单调增加。

4.1.2 算法步骤

基于以上算法原理和公式, 具体步骤如下:

- 1) 给定初始解 $\theta^{(0)}, t=0$ 。
- 2) 对于 $t=1, 2, \dots, E$ -步, 在观察样本和当前解 $\theta^{(t)}$ 给定的条件下, 计算完全数据的对数似然函数期望值, 根据式 (4-4) 有

$$Q(\theta, \theta^{(t)}) = E[\lg p(x^g, x^m | \theta) | x^g, \theta^{(t)}] \quad (4-5)$$
- 3) M -步: 选择一个新的参数使得 Q -函数最大, $\theta^{(t+1)} = \arg \max_{\theta} Q(\theta, \theta^{(t)})$ 。
- 4) $t=t+1$, 重复步骤 2)、3), 直到条件收敛。

4.2 基于 EM 和 Mean-Shift 在图像分割中的应用

4.2.1 基于 EM 的带宽选取方法流程

本节将 EM 和 Mean-Shift 算法应用到 3DCT 粘连血管型肺结节的分割中。根据文献 [28] 的算法的步骤可以推断出结节是服从高斯分布的球; 血管是服从高斯分布的圆柱; X 形血管是由 2 个服从高斯分布的圆柱组成; Y 形血管是由 3 个服从高斯分布的圆柱组成。由此也可以推断出粘连血管型结节是由服从高斯分布的球和服从高斯分布的圆柱组成。

血管里充满着向同一方向流动的血液, 血管呈管状结构, 通常把血管模拟为服从高斯分布的圆柱, 这就使得血管上像素梯度的垂直方向基本一致, 血管上像素梯度的垂直方向集合服从正态分布; 而结节里充满着癌细胞, 结节呈球状结构, 通常把结节模拟为服从高斯分布的球, 这就使得结节上像素梯度的垂直方向指向四面八方, 结节上像素梯度的垂直方向集合服从均匀分布, 如图 4-1 所示。

首先利用关系矩阵求得梯度的法向量方向, 即流向特征, 然后, 假设粘连血管型结节像素梯度的垂直方向服从正态分布和均匀分布的混合概率

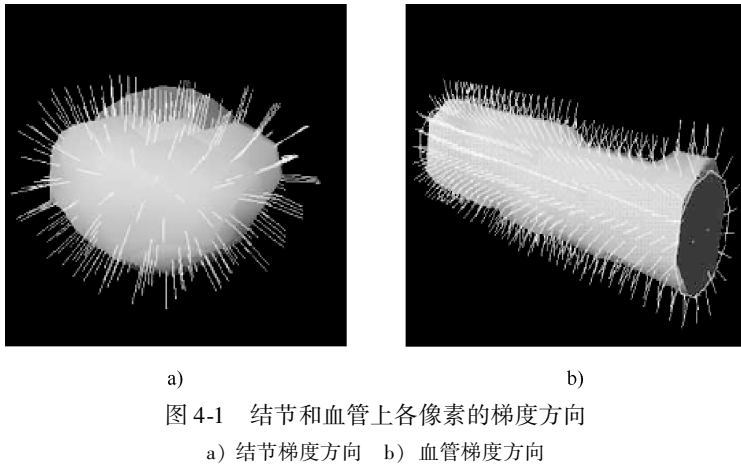


图 4-1 结节和血管上各像素的梯度方向

分布，采用期望最大算法拟合出参数和权重。均匀分布的权重可以被看作是结节上像素个数占粘连血管型结节总像素个数的比重。最后，根据均匀分布的权重求得核函数的带宽参数，代入均值漂移（Mean-Shift）聚类分割出精确的肺结节边缘。人造数据和肺结节真实数据的实验结果表明，该方法快速而有效地解决了粘连血管型结节的分割问题。

肺结节分割框架如图 4-2 所示。首先确定粘连血管型结节的感兴趣区

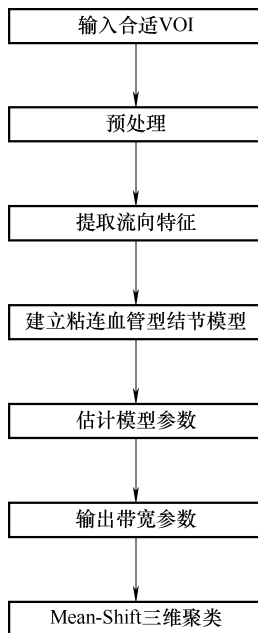


图 4-2 肺结节分割框架

域 (VOI)。然后对感兴趣区域 (VOI) 进行预处理, 得到粘连血管型结节的前景区, 然后提出前景区的流向特征, 最后建立粘连血管型结节模型。估计模型参数, 根据估计出的模型参数输出带宽参数, 带入到均值漂移算法中进行三维粘连血管型结节分割。

4.2.2 预处理

对于图 4-3 的粘连血管型结节, 做如下操作。首先, 用 2.5.2 中的方法自适应地得到结节感兴趣体; 然后, 用迭代阈值法得到的阈值进行 26-邻域区域生长的方法分割粘连血管型结节的前景区 (即包含结节和血管部分); 最后, 用最大密度投影 (MIP, Maximum Intensity Project) 向横断面方向做投影, 投影到二维平面上, 如图 4-4 所示。最大密度投影是指对于三维感兴趣体按某个方向 (X 轴方向、 Y 轴方向或 Z 轴方向) 投影到一个二维平面上。二维图像的 CT 值为各个层对应位置像素 CT 值的最大值。

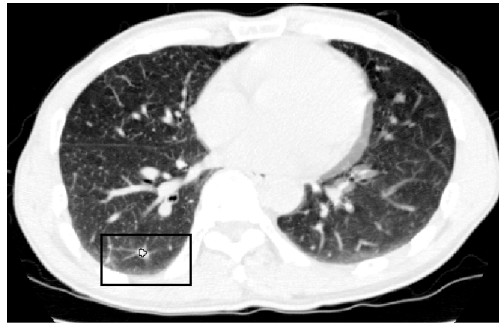


图 4-3 一个二维血管粘连型结节

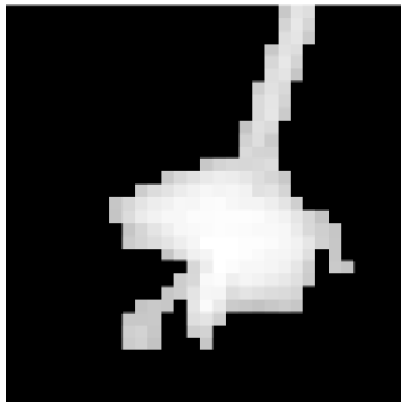


图 4-4 最大密度图 4-3 的结节

4.2.3 基于关系矩阵的流向特征提取

文献 [28] 中给出了三维的关系矩阵, 这里导出二维的关系矩阵。在 MIP 图像上 (图 4-4) 以像素 j 为中心的 3×3 窗中的二维高斯梯度向量 $\zeta_j = \{g_i\}_{i=1}^n$, 其中 $n=3^2$, 由于 ROI 尺寸小, 高斯尺度也应该小。垂直于 ζ_j 的向量 \mathbf{v} 被定义为投影到 ζ_j 中所有向量的平方和最小 $E(\mathbf{v}) = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n ((g_i)^T \mathbf{v})^2 = \mathbf{v}^T \mathbf{G} \mathbf{G}^T \mathbf{v}$, 其中, $\mathbf{G} = \frac{1}{\sqrt{n}} [g_1, \dots, g_n]$, $\mathbf{G} \mathbf{G}^T$ 是 2×2 关系矩阵。 λ_1 、 λ_2 为 $\mathbf{G} \mathbf{G}^T$ 的特征值且 $\lambda_1 < \lambda_2$, 与 λ_1 对应的特征向量是 \mathbf{e}_1 , 则像素 i 的梯度的法向量为

$$\mathbf{v}_i = \sqrt{\lambda_2} \times \mathbf{e}_1 \quad (4-6)$$

式中: \mathbf{v}_i 为血管流动的方向, 如图 4-5 所示。

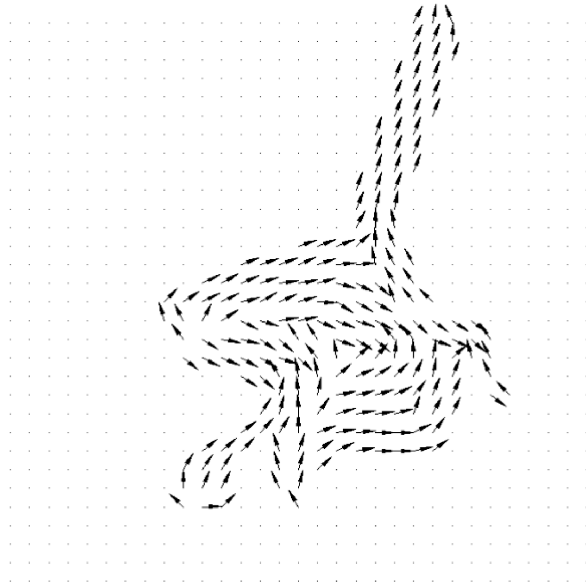


图 4-5 流向特征图

图 4-5 是图 4-4 的流向特征图。虽然特征向量有唯一的方向, 但是特征向量并不是唯一的。为了让向量充满 $[0, 2\pi]$ 区间, 需要重新定义特

征向量的象限:

$$\begin{aligned}
 \text{If } g_i(x_0, y_0) \in \text{I Then } v_i(x_0, y_0) \in \text{II} \\
 \text{If } g_i(x_0, y_0) \in \text{II Then } v_i(x_0, y_0) \in \text{III} \\
 \text{If } g_i(x_0, y_0) \in \text{III Then } v_i(x_0, y_0) \in \text{IV} \\
 \text{If } g_i(x_0, y_0) \in \text{IV Then } v_i(x_0, y_0) \in \text{I}
 \end{aligned} \tag{4-7}$$

为了保证 ROI 区域内血管流向一致, 需要把一些向量的方向转换到其相反的方向。在指向同一方向最多的向量中任取一个向量 $Arbv$, 如果它和其他向量 v_i 之间的夹角在 $\left[\frac{\pi}{2}, \pi\right]$ 范围内, 把向量 v_i 转到相反的方向 $-v_i$, 如图 4-6 所示。

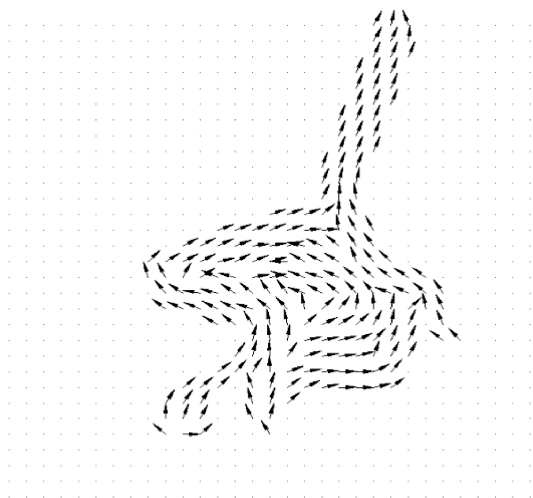


图 4-6 一致化流向特征图

$$v_i = \begin{cases} -v_i & -1 \leq \frac{v_i \cdot Arbv}{|v_i| \cdot |Arbv|} < 0 \\ v_i & \text{其他} \end{cases} \tag{4-8}$$

对向量的方向角度做直方图。如果直方图不连续, 把部分角度加 2π 后使得直方图连续并所有角度在 $[0, \pi]$ 范围内, 如图 4-7 所示。

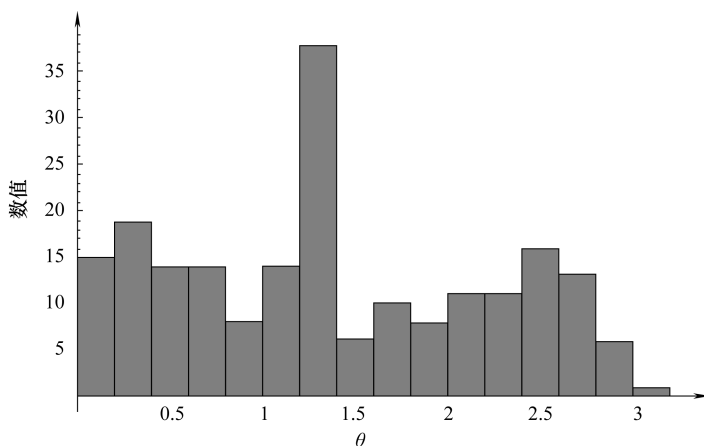


图 4-7 图 4-6 的直方图

4.2.4 基于EM估计粘连血管型结节模型参数

假设, 结节是服从高斯分布的球状物, 血管是服从高斯分布的管状物, 则结节梯度的法向量方向指向四面八方的, 服从均匀分布 $[50, 100]$, 血管梯度的法向量方向是沿血管流向指向的, 服从正态分布, 如图 4-7 所示。因此, 建立粘连血管型结节的模型如下:

$$f(x) = \omega_1 \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \exp\left(-\frac{(x-u)^2}{2\sigma^2}\right) + \frac{\omega_2}{\pi} \quad (4-9)$$

式中: ω_1 和 ω_2 为权重并有 $\omega_1 + \omega_2 = 1$; μ 和 σ 分别为正态分布的均值和方差; x 为前景区 (二维平面) 各个像素流向特征角度; $f(x)$ 为角度的分布函数。

4.2.5 最佳带宽参数选取

根据第 5 章介绍的带宽参数选择的方法有: 以 c 为中心, 尺寸为 $rx y_c^k \cdot ry y_c^k \cdot rz z_c^k$ 的 3DVOI 数据的特征空间 $X_i = (x_i, y_i, z_i, r_i) \in R^4$, 其中 $r_i = I(x_i, y_i, z_i)$, x_i 、 y_i 、 z_i 为空间位置特征, r_i 为灰度特征。已知 MIP 的前景区中的像素个数 N_{wu} , 根据均匀分布的权重 ω_2 , 可知 MIP 的前景区中结节部分的像素个数是 $N_{wu} \cdot \omega_2$ 。结节在 x 、 y 方向上的跨度是 $S_{xy} = \text{Round}(\sqrt{N_{wu} \cdot \omega_2})$, 在 z 方向上的跨度是 $S_z = \text{Round}(S_{xy} \cdot x_{mm}/z_{mm})$, Round 为取整操作。 x_{mm} 为 CT 图像 x 、 y 方向的分辨率, z_{mm} 为 z 方向的分辨率, 在 r

方向上的跨度是 $S_r = CT_{\max} - CT_{\min}$, CT_{\max} , CT_{\min} 分别为 N_{wu} 中像素的最大和最小 CT 值。假设结节服从各向异性的正态分布, x 方向的带宽参数 h_x , y 方向的带宽参数 h_y , z 方向的带宽参数 h_z 和灰度的带宽参数 h_r , 根据带宽参数选择定理, 当结节区域在 x 方向 (或 y 、 z 方向或灰度) 的直径为 d 时, x 方向 (或 y 、 z 方向或灰度) 的均值漂移带宽参数应为 $d/4$, 这是因为服从正态分布 $N(\mu, \sigma)$ 物体的直径等于 4σ ,

$$\begin{cases} h_x = S_x/4 \\ h_y = S_y/4 \\ h_z = S_z/4 \\ h_r = S_r/4 \end{cases} \quad (4-10)$$

4.3 Mean-Shift 三维分割结节过程

对于 $rx y_c^k \cdot rxy_c^k \cdot rz_c^k$ 的三维感兴趣体数据集 $X_i \in R^4$, $i = 1, \dots, N_{wu}$, 则样本点 X 处的多变量高斯核概率密度估计函数为

$$\hat{f}(X) = \frac{1}{N_{wu} (2\pi)^2 |\mathbf{H}|^{1/2}} \sum_{i=1}^{N_{wu}} \exp\left[-\frac{1}{2}D^2(X, X_i, \mathbf{H})\right] \quad (4-11)$$

$$D^2(X, X_i, \mathbf{H}) = (X - X_i)^T \cdot \mathbf{H}^{-1} (X - X_i) \quad (4-12)$$

$$\mathbf{H} = \text{diag}(h_x, h_y, h_z, h_r) \quad (4-13)$$

特征空间中, 密度的极大值点为聚类中心点。也就是, 密度函数梯度等于零的点, 即

$$\nabla \hat{f}(x) = \frac{1}{N_{wu} (2\pi)^2} \sum_{i=1}^{N_{wu}} \frac{\mathbf{H}^{-1} (X_i - X)}{|\mathbf{H}|^{-1/2}} \exp\left[-\frac{1}{2}D^2(X, X_i, \mathbf{H})\right] \quad (4-14)$$

$$\mathbf{m}(X) = \frac{\sum_{i=1}^{N_{wu}} X_i \exp\left[-\frac{1}{2}D^2(X, X_i, \mathbf{H})\right]}{\sum_{i=1}^{N_{wu}} \exp\left[-\frac{1}{2}D^2(X, X_i, \mathbf{H})\right]}$$

为聚类中心过程中的偏移向量。

Mean-Shift 向量总是指向密度增长最快的方向。Mean-Shift 过程通过迭代下面 1)、2) 两步, 保证了收敛到聚类中心。

- 1) 计算 Mean-Shift 向量 $\mathbf{m}(X)$ 。
- 2) 平移窗口, 窗口中心位置移到 X^{t+1} , $X^{t+1} = X^t + \mathbf{m}(X^t)$ 。结束条件

当 $X^{t+1} = X^t$ ，表示该样本聚类过程收敛，停止迭代。 X^t 是样本在第 t 次迭代中的坐标和 CT 灰度值， X^{t+1} 是样本在第 $t+1$ 次迭代中的坐标和 CT 灰度值。对于每个样品点，运行上述过程，收敛到相同聚类中心的点的集合被认为属于同一个聚类簇，从而得到精确的结节轮廓线。

4.4 结果及分析

4.4.1 实验方案

本章的实验环境和实验平台都与第3章相同。本章共设计了2套实验，具体方案如下。

实验一：设计人造数据实验，目的是测试流向特征是否能区分孤立型结节、粘连血管型结节、血管端点、X形血管交叉点和Y形血管交叉点。

实验二：设计肺CT数据实验，用新分割算法分割，并三维可视化实验数据中的肺结节。分割结果与“金标准”相比较；带宽选择范围与文献[27]和第5章的带宽参数选择范围相比较。

4.4.2 人造实验数据及结果

1个半径为6（像素）、尺度为1的三维服从高斯分布的球与1个半径为2（像素）、高度为21（像素）、尺度为1的三维服从高斯分布的圆柱相叠加模拟粘连血管型结节。把三维物体最大密度投影，如图4-8a所示；求出图4-8a的流向特征向量，如图4-8b所示；流向特征向量方向直方图如图4-8c所示，横轴为流向特征向量方向角度，范围为 $[0, \pi]$ ，纵轴为像素个数。结果显示直方图服从均匀分布和高斯分布的叠加。

1个三维服从高斯分布的球模拟孤立型肺结节最大密度投影后的流向特征向量如图4-9a1所示，流向特征向量方向直方图如图4-9a2所示。可见直方图服从均匀分布。

1个三维服从高斯分布斜圆柱模拟血管最大密度投影后的流向特征向量如图4-9b1所示，流向特征向量方向直方图如图4-9b2所示。可见直方图服从高斯分布。

2个三维服从高斯分布的圆柱相叠加模拟X形血管最大密度投影的流向特征向量如图4-10a1所示，流向特征向量方向直方图如图4-10a2所示。直方图服从2个高斯分布相叠加。

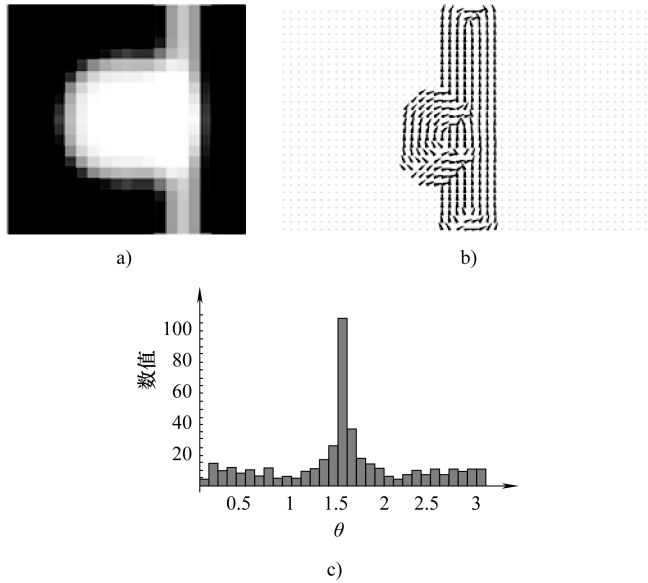


图 4-8 人造粘连血管型结节及流向特征向量

a) 人造粘连血管型结节 MIP 结果 b) 流向特征向量 c) 流向特征向量方向角度直方图

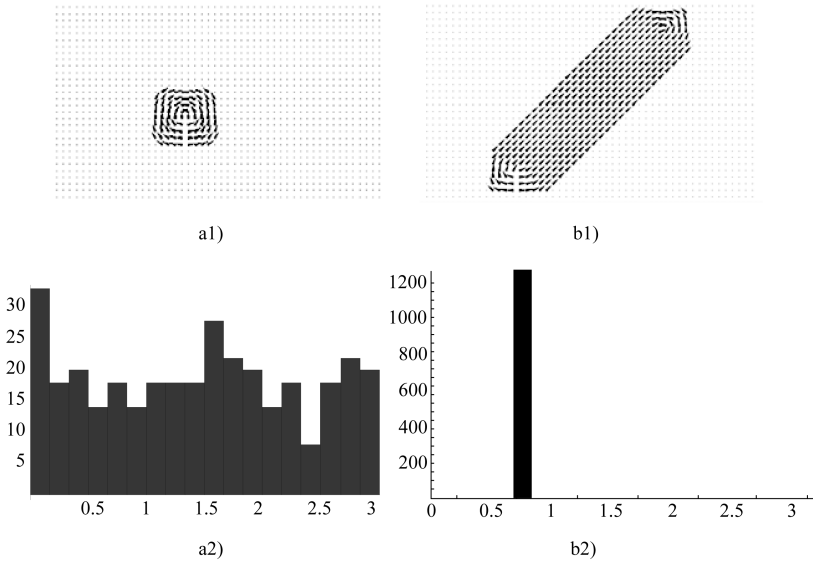


图 4-9 人造孤立型结节、血管流向特征向量及其方向直方图

a1) 人造孤立型结节流向特征向量 b1) 人造血管流向特征向量

a2) 人造孤立型结节流向特征向量方向直方图 b2) 人造血管流向特征向量方向直方图

3个三维服从高斯分布的圆柱模拟Y形血管最大密度投影后如图4-10b1所示；流向特征向量方向直方图如图4-10b2所示。可见直方图服从3个高斯分布叠加。

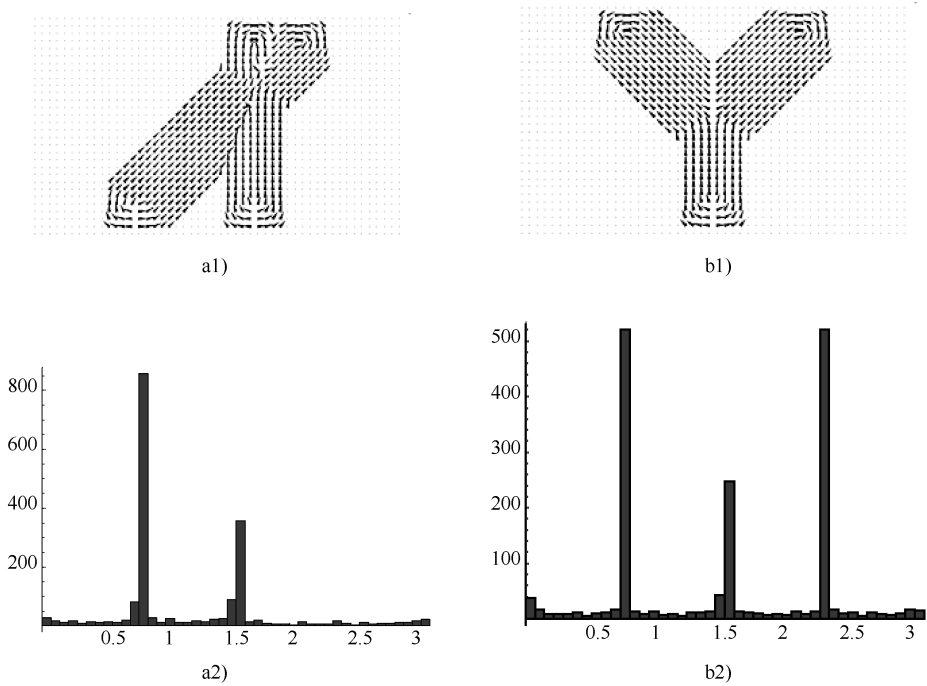


图4-10 人造X形和Y形血管流向特征向量及其方向直方图

a1) 人造X形血管流向特征向量 b1) 人造Y形血管流向特征向量

a2) 人造X形血管流向特征向量方向直方图 b2) 人造Y形血管流向特征向量方向直方图

4.4.3 肺CT影像实验数据

评估实验数据全部来源于各向同性的LIDC数据库和各向异性的广州医学院第一附属医院数据库。其中，LIDC数据库中包含6个病例中的6个粘连血管型结节，数据库中包含专家分割结节的“金标准”；广州医学院第一附属医院数据库中包含10个病例中的10个粘连血管型结节，数据库中包含医生画定的结节分割结果。

4.4.4 实验结果与讨论

采用本章算法分割这 16 个粘连血管型结节，把算法分割的结果和医生的“金标准”相比较，其结果全部符合医生手工勾画出的边缘。图 4-11 是对图 4-2 中的粘连血管型结节的各层分割结果。与区域生长算法相比较，可以看出，本章算法能把粘连血管型结节的结节部分和血管部分分开，而区域生长算法不能。图 4-12 是分别用本章算法分割 4 套粘连型血管结节的三维可视化效果图，球状的物体为结节，管状的物体为血管。可以看出，本章算法能把结节从血管上分割下来。

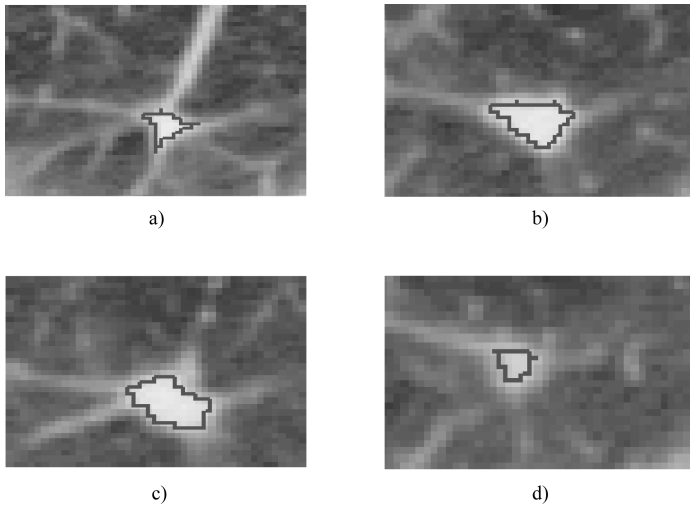


图 4-11 本章算法分割图 4-2 结节各层结果

- a) 粘连血管型结节的第一层影像 b) 粘连血管型结节的第二层影像
c) 粘连血管型结节的第三层影像 d) 粘连血管型结节的第四层影像

本章算法分割图 4-12 中的 4 个结节的最佳带宽参数选择范围与文献 [31] 和第 3 章中的算法分割这些结节时带宽参数选择范围的对比见表 4-1。可以看出，本章算法提出了一个直接选择带宽参数的新方法而不同于文献 [31] 和第 3 章用迭代最优化的方法，并在带宽参数选择范围内选出最佳带宽参数。如对于图 4-12a 中的粘连血管型结节，文献 [31] 算法的最佳带宽参数选择范围为 0.5 ~ 13，而第 3 章的算法的最佳带宽参数选择范围为 2.75 ~ 9.25，最后用本章算法则可以直接求出最佳带宽参数为 3。

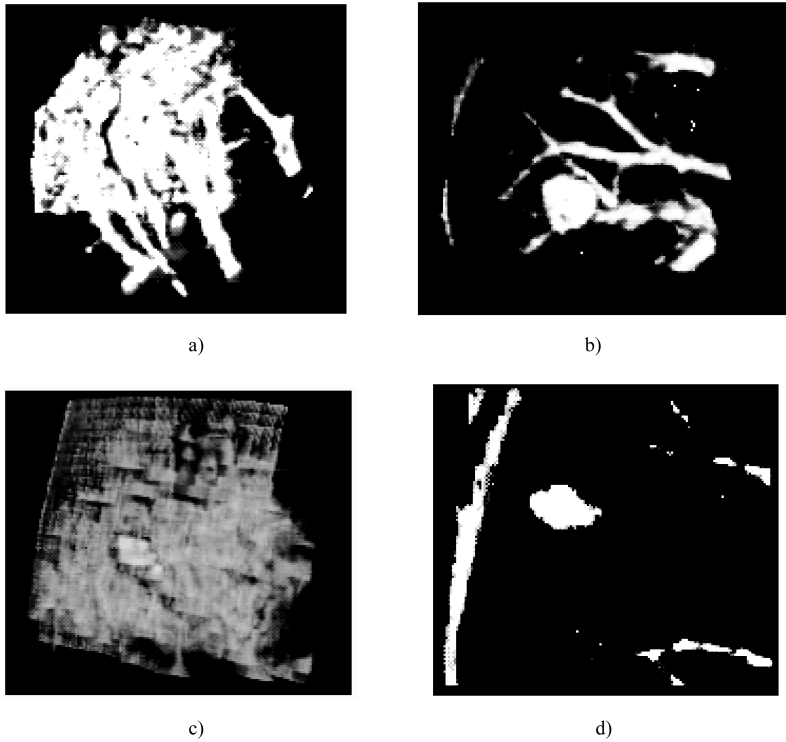


图 4-12 4 个粘连血管型结节三维可视化的结果
a)、d) 本章算法带宽为 3 b)、c) 本章算法带宽为 3.25

表 4-1 最佳带宽参数选择范围的对比

图 号	文献 [31] 算法	第 3 章的算法	本章算法
图 4-12a	0.5 ~ 13	2.75 ~ 9.25	3
图 4-12b	0.5 ~ 13	3.0 ~ 9.75	3.25
图 4-12c	0.5 ~ 13	3.0 ~ 10.25	3.25
图 4-12d	0.5 ~ 13	2.75 ~ 9.25	3

第 5 章 基于改进主动形状模型的 分割方法研究

5.1 主动形状模型

主动形状模型 (ASM, Active Shape Model) 是由 Coote 等人^[32]提出的。它是建立在点分布模型 (PDM, Point Distributed Model) 的基础上, 获取训练图像样本的形状标记点分布的统计信息 (即平均形状) 和形状标记点的变化范围 (即形状上的变形)。将平均形状覆盖到目标图像上, 在变形允许的范围内迭代并搜索目标边缘。在搜索的过程中, 它首先对一组标有特征点的训练集图像的形状和局部灰度建模; 然后不断调节形状和姿态参数从而使最终的形状达到最优化。

ASM 包括形状模型、表面模型和优化算法。首先, 在训练集样本图像上, 选取标记点; 然后, 通过使用旋转、缩放和平移缩小样本之间的差异; 最后, 用主成分分析 (PCA, Principal Component Analysis)^[33]方法得到样本集的平均形状及变形范围。以上阐述的为建立形状模型步骤。表面模型是通过描述每一标记点周围典型图像结构得到的, 它是以标记点为中心, 沿着垂直于轮廓的方向采样像素剖面得到。Cootes 等人使用这些剖面的归一化的一阶导数建立了表面模型^[34]。最后, ASM 将分割问题转化为用优化算法如局部搜索方法, 以及最小均方差参数近似求模型最优解。

ASM 的构成要素有: 基于标记点的形状表示 (采用标记点表示)、形状对准 (采用广义 Procrustes)^[35]、基于 PCA 的形状模型、由归一化的图像梯度或亮度剖面生成的表面模型。

传统的形状图形是用手工标定在形状上的标记点构成, 既费时且容易出错。对于三维图像, 因为需要分析的数据量变大, 相应地标记点的数量也惊人的大。如文献 [36] 是用最小描述长 (MDL, Minimum Description Length) 的方法建立标记点, 该方法能自动地标记形状上的标记点。另一种方法是在三维图像上生成密集的三角形, 由此选择标记点。还可利用归一化互信息的自由弹性配准技术在不同的训练形状间传播标记点。此外,

最小化形状模型也可用于选择标记点。Lim 等^[36]建立了一种三维统计形状模型的生成方法，它首先从训练形状的距离变换中建立平均形状，接着使用四面体的方法在平均形状中自动算出标记点，最后借助于距离标记的方法将这些标记点标记到每一个训练形状上。

基于 2-范式的形状对准方法在 ASM 中受到了广泛关注，但该方法易受到基于标记点的影响。后来有人提出基于无穷-范式或 1-范式的形状对准方法，以便得到更符合现实的模型。

主成分分析 (PCA) 能产生较好的形状变化分解，然而这是在假定误差服从多变量高斯分布的前提下。而当假设不满足时，PCA 会产生不合理的形状分解。

在 ASM 中，通过每一个标记点并且垂直于目标轮廓的纵剖线段或纵剖面上的归一化的图像亮度或梯度均表示了该点周围的邻域特征，而所有训练样本的对应点的纵剖面上的归一化的图像亮度或梯度经过统计学习后，就形成了该点的局部表面模型。

形状模型、局部表面模型和搜索机制是 ASM 的 3 个主要组成部分。如果局部表面模型是线性的，搜索方式是在图像中使用马氏 (Mahalanobis) 距离测度将每一个标记点移动到其最佳的匹配位置上。当局部表面模型是非线性的时，需要用 K-近邻分类器以搜索标记点的最佳位置。通常，为了增加鲁棒性，ASM 的搜索机制是在多分辨率框架下实现。为了使 ASM 能够有效地解释训练集所蕴含的目标形状，必须对 ASM 的 PCA 模型进行恰当截取。

5.2 改进 ASM 在肺区分割上的应用

5.2.1 肺区分割研究现状

肺区分割是肺癌计算机辅助诊断的首要步骤，但发生肿块（指直径大于 3cm 的类球形病灶）与胸壁粘连时，会给分割带来困难。传统方法大多依据计算机断层成像 (CT, Computer Tomography) 值的差异来分割肺区（低密度区域）和胸壁（高密度区域），而这只适合于分割胸壁无肿块粘连的肺区。如果胸壁与肿块粘连，由于两者 CT 值接近，会导致基于局部低级特征的传统分割方法得不到正确结果（图 5-1b）。近年来，很多高级的分割方法应用到医学图像的分割中，如将图理论、马尔科夫随机场应用到 PET-CT 的肺肿块分割中^[37,38]，针对胸壁粘连型肺结节（直径在 3mm ~

3cm) 的分割方法已有较多报道。如文献 [39] 用形态学“滚球”法填充胸壁粘连型肺结节区域。文献 [40] 利用肋骨与胸壁之间曲率一致的特点来分割含胸壁粘连型肺结节的肺区。文献 [41] 采用贝塞尔曲面将经仿射变换的平滑肺轮廓模型拟合到目标肺上, 再用主动轮廓算法加以改进。但该方法难以适用于结节出现在肺顶或肺底部的情形。文献 [42] 先用移动立方体 (marching cube) 算法建立表面模型, 然后用曲率识别并删除“有问题”的区域, 再用径向基函数 (RBF, Radial Basis Function) 修复并拟合表面。但以上方法只适用于小的病灶区域的填充, 难以处理含有大面积病灶 (如肿块) 的肺区。文献 [43] 基于图集的弹性配准来分割含有胸壁粘连型肿块的肺区, 分割准确率高, 且能在缺少大量正常肺组织 (不大于 30%) 的情况下维持完整的肺区形状; 但处理时间较长, 在临床上不能接受。文献 [44] 用肺影像库和配准的方法做含病变的肺区分割。

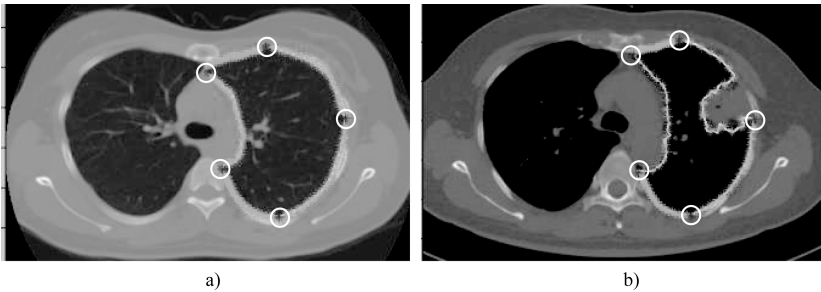


图 5-1 提取肺边缘标记点

a) 不含粘连胸壁型肿块的肺 b) 含有粘连胸壁型肿块的肺

为解决上述问题, 需将先验肺区形状模板导入到分割模型中。目前, 基于先验形状的分割算法主要有两类: 第一类是带形状约束项的水平集 level-set 模型^[45]; 第二类是基于统计的变形模型, 如主动形状模型 (ASM, Active Shape Model)^[46]。前一种方法因其过于限定目标形状的特性而难以推广。ASM 是一种基于标记点分布模型 (PDM) 的形状表达模型, 它使用主成分分析 (PCA) 学习训练集的平均形状和变形范围, 故适用于大致轮廓相似又有一定个体差异的医学解剖部位分割。但 ASM 分割效果会受到异常标记点 (即位于伪边缘上的标记点) 的影响。异常标记点违背了 ASM 模型中冗余错误服从高斯分布的假设。因此, 有效地处理异常标记点是将 ASM 应用于分割肺区问题的前提。

近年来, 许多学者在检测异常标记点上做了大量工作。如文献 [47] 用形状表达模型的变化参数来检测标记点, 即在形状变化参数下, 用单个

标记点更新的位移量与所有标记点更新的平均位移量相比较；如果相差很大，说明该标记点为异常标记点。文献 [48] 用相邻标记点间距离比例作为形状描述手段来检测异常标记点；如果距离比例值在训练出的形状变化容忍模型的置信区间外，说明该标记点为异常标记点。文献 [49] 将标记点集随机分为若干个子集，若待分割图像的标记点子集重建出的形状与训练样本集对应标记点重建出的形状差别较大，说明该子集中含有异常标记点。

5.2.2 提取标记点

首先，用传统方法分割肺区。具体步骤为迭代阈值分割、区域生长和连通性排除肺外区域、剔除气管、填充内部空洞和剔除肝脏、左右肺精确分离分割。

然后，分别提取左、右肺轮廓的标记点。对于左肺，选择轮廓最上边的点、最下边的点、最右边的点、上半部分最左边的点和下半部分最左边的点作为主标记点。对于右肺，选择轮廓最上边的点、最下边的点、最左边的点、上半部分最右边的点和下半部分最右边的点作为主标记点。 $\Delta\alpha$ 在两个主标记点间等距离间隔选取 20 个标记点；这样，一个轮廓线上有 $k=96$ 个标记点（图 5-1）。在图 5-1 中，提取肺边缘标记点中圈出点为主标记点，亮点的轮廓线均为其他标记点。

5.2.3 建立形状模型

基于普鲁克分析方法 (Procrustes Analysis)，在对齐训练样本集的各个形状轮廓后，求训练样本集的平均形状 \bar{x} 和协方差矩阵 C ；并计算 C 的特征值和特征向量。将特征值降序排列并选取与前 n 个最大特征值分别相互对应的特征向量 $p = [p_1, p_2, \dots, p_n]$ ，以及建立一个线性可变统计形状模型 $x = \bar{x} + pb$ 。其中， b 为形状参数。如图 5-2 所示，轮廓线 1 为训练样本集的均值轮廓

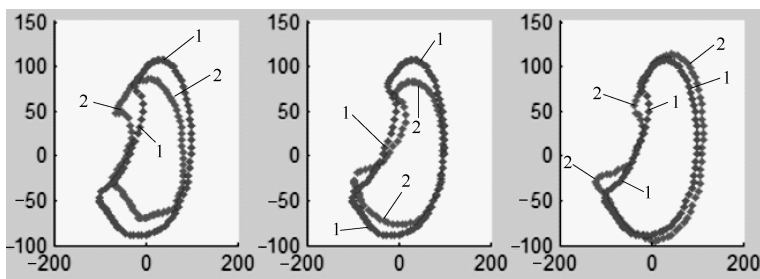


图 5-2 基于 ASM 模型求得的变形形状
1—平均形状 2—变形形状

廓 \bar{x} ; 轮廓线 2 为基于该形状模型, 即当 n 分别为 1、2、3 时, 求得的变形形状。可以看出, 随着 n 越大, 获得的变形形状就越和平均形状相似。

5.2.4 异常标记点选择

由于肿块与胸壁粘连, 基于传统分割方法获得的肺边缘轮廓有凹口 (图 5-1b), 在凹口上的标记点为异常标记点。这些异常标记点在 ASM 搜索肺边缘的过程中, 会被更新到肺实质和肿块的过渡区域。

首先, 将基于标记点对齐含大肿块的肺轮廓 $Shape_1(x_1, y_1, \dots, x_k, y_k)$ 和训练样本的均值轮廓 $Shape_2(w_1, z_1, \dots, w_k, z_k)$ 。对齐的步骤是: 删除平移成分、缩放尺度和旋转变换。

1) 删除平移成分的式为

$$\left(x_1 - \sum_{i=1}^k x_i/k, y_1 - \sum_{i=1}^k y_i/k\right) \tag{5-1}$$

2) 缩放尺度的式为

$$((x - \bar{x})/s, (y - \bar{y})/s) \tag{5-2}$$

式中: $s = \text{sqrt}(((x_1 - \bar{x})^2 + (y_1 - \bar{y})^2 + \dots)/k)$ 。

3) 旋转变换中旋转角度的式为

$$\theta = \arctan \frac{\sum_{i=1}^k (w_i y_i - x_i z_i)}{\sum_{i=1}^k (w_i x_i + y_i z_i)} \tag{5-3}$$

对齐的结果如图 5-3 所示, 其中标记点 1 表示训练样本集的均值轮廓

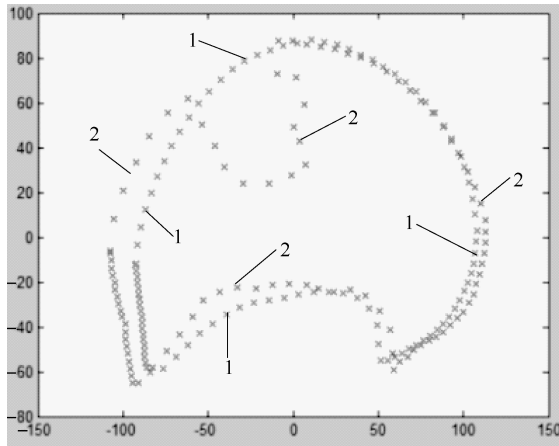


图 5-3 对齐训练样本集的均值轮廓和含大肿块的肺轮廓
1—均值轮廓 2—含大肿块的肺轮廓

廓，标记点 2 表示含大肿块的肺轮廓。

对齐之后，寻找在搜索过程中可能陷入肿块区域的异常标记点。在含大肿块的肺轮廓标记点集中寻找与均值轮廓的标记点 $p \in (x, y)$ 距离最近的标记点 $q \in (w, z)$ ，称为对应标记点。如果对应标记点间的距离大于阈值 ε (图 5-4)，说明该标记点为异常标记点，即

$$\min_{x \in \text{neighbour}(p)} \|x - q\|_2 > \varepsilon \quad (5-4)$$

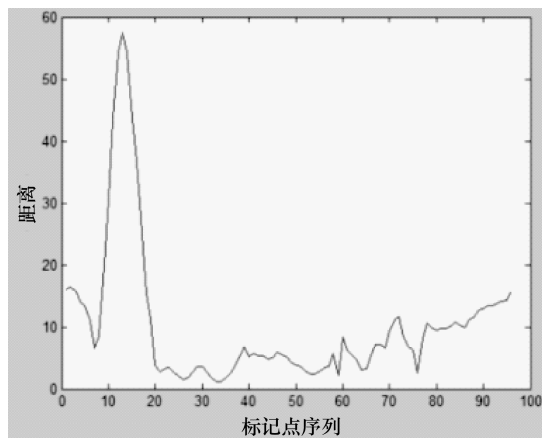


图 5-4 训练样本集的均值轮廓与含肿块肺轮廓的对应标记点距离

5.2.5 搜索肺区边缘

首先，需要设定搜索范围即包围核。这是因为 CT 肺影像中除了有肺区，还有纵膈区、肋骨等。包围核为最上、最下、最左和最右的主标记点形成的矩形区域。搜索的初始曲线为均值轮廓。当前搜索轮廓在包围核的外面时，标记点的剖面邻域内最内部的点为下次迭代的位置。

然后，分段设定搜索规则。对于异常标记点，搜索时只需要考虑服从形变范围 $-3\sqrt{\lambda} < b < +3\sqrt{\lambda}$ ，且 $b = \phi^T(x - \bar{x})$ 。其中， ϕ 为训练集中变形的特征向量矩阵； λ 为其对应的特征值； \bar{x} 为训练集均匀轮廓； x 为当前搜索轮廓。对于非异常标记点，除了服从形变范围外，还应服从局部梯度模型。对标记点 t 在剖面邻域内的每个采样候选点 k ，计算其梯度值 l_k 与标记点 t 的局部梯度模型中平均值 \bar{l}_t 之间的马氏距离：

$$f(l_k) = (l_k - \bar{l}_t)^T \sum_k^{-1} (l_k - \bar{l}_t) \quad (5-5)$$

并使 $f(l_k)$ 最小的点为下次迭代的位置。

5.3 数据集及分割结果

5.3.1 数据集

从广州医科大学附属第一医院收集 30 个含有粘连胸壁型肿块的多层螺旋 CT 胸部扫描序列影像。序列影像的尺寸为 $512 \times 512 \times (100 \sim 200)$ 层，层厚为 $0.6\text{mm} \times 0.6\text{mm} \times 2\text{mm}$ (或 3mm)。30 个左肺区中有 19 个含有粘连胸壁型肿块，11 个不含有粘连胸壁型肿块。30 个右肺实质区域中有 21 个含有粘连胸壁型肿块，9 个不含有粘连胸壁型肿块。左肺区中肿块的平均最大直径为 53.0mm 和右肺区中肿块的平均最大直径为 38.8mm 。不含粘连胸壁型肿块的左、右肺区，作为训练集样本分别参与训练左、右肺轮廓形状模型。

5.3.2 分割结果

图 5-5 显示了基于本章方法在肺实质边缘轮廓搜索迭代过程中的初始位置、中间位置和最终位置。图 5-6 对比显示了改进 ASM 方法和传统方法分割带有粘连肺壁型肿块肺区的效果。图 5-7 显示了改进 ASM 方法分割肺内含大肿块的肺区的效果。

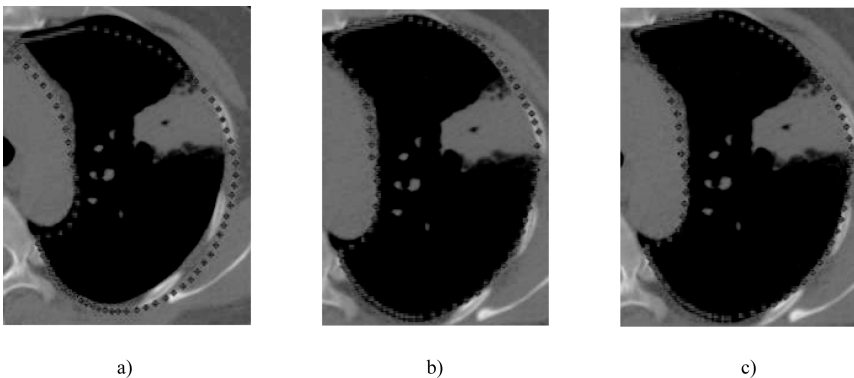


图 5-5 基于改进 ASM 的含粘连胸壁型肿块的肺区轮廓搜索过程

a) 初始位置 b) 中间位置 c) 最终位置

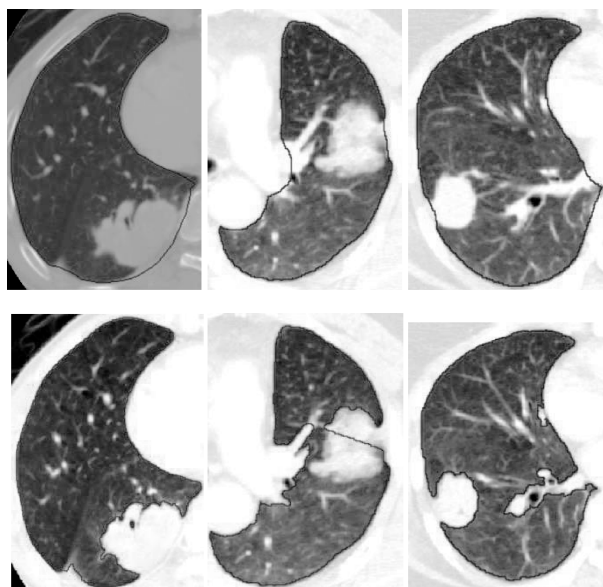


图 5-6 基于传统方法和改进 ASM 对带有粘连肺壁型肿块的肺区域分割结果对比

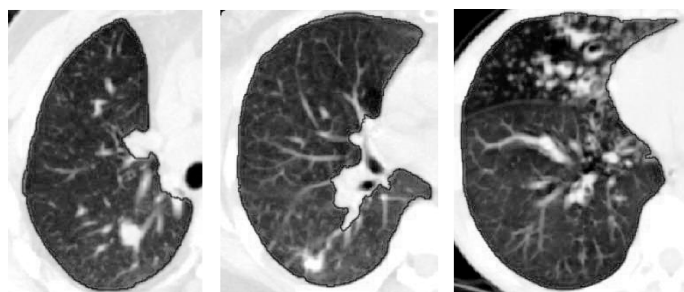


图 5-7 基于改进 ASM 的对肺内含大肿块的肺区分割结果

5.3.3 分割结果评价与讨论

将分割算法得到的轮廓包含区域与医生手工绘制轮廓包含区域（作为“金标准”）相比较，计算覆盖程度 $Overlap$ ，式（5-6）如下所示：

$$Overlap = \frac{R_{\text{gold}} \cap R_{\text{new}}}{R_{\text{gold}} \cup R_{\text{new}}} \times 100\% \quad (5-6)$$

式中： R_{gold} 和 R_{new} 分别指“金标准”的像素集和分割算法的像素集。

改进 ASM 方法的重叠度平均值为 93.6%，而传统 ASM 重叠度平均值

为 65.5%。得到这样的结果，是因为传统 ASM 对异常标记点敏感；而本章方法能处理异常标记点的影响。

本章方法被集成在基于 ITK 和 VTK 开发的医学影像后处理的平台上。运行在配置为 i5-3210M CPU、6G 内存且安装 Windows7 操作系统的计算机上。实验中，每层平均分割时间为 1.2s，一序列 CT 影像的分割时间不超过 2min。

参 考 文 献

- [1] Li Q, Sone S, Doi K. Selective enhancement filters for nodules, vessels, and airway walls in two- and three-dimensional CT scans [J]. *Med Phys*, 2003 (8): 2040-2051.
- [2] Frangi A F, Niessen W J, et al. Model-based quantitation of 3-D magnetic resonance angiographic images [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 1999 (18): 946-956.
- [3] Sato Y, Nakajima S, Shiraga N, et al. Three-dimensional multiscale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images [J]. *Medical Image Analysis*, 1998, 2 (2): 143-168.
- [4] Guillon S, Baylou P, Najim M, et al. Adaptive nonlinear filters for 2D and 3D image enhancement [J]. *Signal Processing*, 1998 (67): 237-54.
- [5] Sonka M, Hlavac V, Boyle R. *Image processing, analysis, and machine vision* [M]. London: Thomson Learning, 2014.
- [6] Oda T, Kubo M, Kawata Y, et al. A detection algorithm of lung cancer candidate nodules on multi-slice CT images [J] // *Proc. SPIE*, 2002 (4684): 1354-1361.
- [7] Katsumata Y, Itai Y, Maeda S. Automatic detection of GGO candidate regions employing four statistical features on thoracic MDCT image [J] // *IEEE International Conference on Control, Automation and System*. 2007 (10).
- [8] Bastawrous H A, Fukumoto T, Nitta N, et al. Detection of ground glass opacities in lung CT images using gabor filters and neural networks [J] // *IEEE Instrumentation and Measurement Technology Conference*, 2005 (5).
- [9] Boroczky L, Zhao L, Lee K P. Feature subset selection for improving the performance of false positive reduction in lung nodule CAD [J]. *IEEE Trans Info Tech Biomed*, 2006 (10): 504-511.
- [10] Yao H, Tian L. A genetic-algorithm-based selective principal component analysis (GA-SPCA) method for high-dimensional data feature extraction [J]. *IEEE Trans on geoscience and remote sensing*, 2003, 41 (6): 1469-1478.
- [11] Félix C, García López, Miguel García Torres, et al. Moreno Pérez J. Marcos Moreno Vega, Scatter search for the feature selection problem [C] // *CAEPIA-TTIA*, 2003, *LNAI 2004* (3040): 517-525.
- [12] Chandrashekar G, Sahin F. A survey on feature selection methods [J]. *Computers & Electrical Engineering*, 2014, 40 (1): 16-28.
- [13] Amato F, López A, Peña-Méndez E M, et al. Artificial neural networks in medical diagnosis [J]. *Applied Biomedicine*, 2013 (11): 47-58.

-
- [14] Mofrad R B, Schoonenboom N S M, Tijms B M, et al. Decision Tree Analysis Reveals Two Cut-off Levels For Amyloid Beta In Early Ad Diagnosis [J]. *Alzheimer's & Dementia: The Journal of the Alzheimer's Association*, 2017, 13 (7): 342-343.
- [15] Vapnik V N. The nature of statistical learning theory [M]. New York: 1995.
- [16] Ramedani Z, Omid M, Keyhani A, et al. Potential of radial basis function based support vector regression for global solar radiation prediction [J]. *Renewable and Sustainable Energy Reviews*, 2014 (39): 1005-1011.
- [17] Hsu C W, Lin C J. A comparison of methods for multi-class support vector machines [J]. *IEEE Transactions on Neural Networks*, 13 (2002): 415-425.
- [18] Marten K, Engelke C, Seyfarth T, et al. Computeraided detection of pulmonary nodules: influence of nodule characteristics on detection performance [J]. *Clin Radiol* 2005 (60): 196-206.
- [19] McCulloch C C, Kaucic R A, Mendonca P R S, et al. Modelbased detection of lung nodules in computed tomography exams [J]. *Acad Radiol*, 2004 (11): 258-66.
- [20] Yee Leung, Zhang Jiang She, Xu Zong Ben, Clustering by scale-space filter [J]. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 2000, 22 (12): 1396-1410.
- [21] Comaniciu D, Meer P. Mean shift: A robust approach toward feature space analysis [J]. *IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intell.*, 2002, vol. 24 (5): 603-619.
- [22] 周芳芳, 樊晓平, 叶榛. 均值漂移算法的研究与应用 [J]. *控制与决策*, 2007, 22 (8): 844-847.
- [23] Comaniciu D, Ramesh V, Meer P. The variable bandwidth mean shift and data-driven scale selection [C] // *Proc of the IEEE Int Conf on Computer Vision*. Vancouver, 2001: 438-445.
- [24] Katkovnik V, Shmulevich I. Kernel density estimation with varying data-driven bandwidth [J]. *Pattern Recognition Letters*, 2002 (23): 1641-1648.
- [25] Fukunaga Keinosuke, Hostetler Larry D. The Estimation of the Gradient of a Density Function, with Applications in Pattern Recognition. January 1975, *IEEE Transactions on Information Theory*. IEEE. 21 (1): 32-40.
- [26] Cheng Yizong. "Mean Shift, Mode Seeking, and Clustering". *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*. August 1995, IEEE. 17 (8): 790-799.
- [27] Okada K, Comaniciu D, Krishnan A. Robust anisotropic gaussian fitting for volumetric characterization of pulmonary nodules in multislice CT [J]. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 2005 (24): 409-423.
- [28] Myung I J. Tutorial on maximum likelihood estimation [J]. *Journal of mathematical Psychology*, 2003, 47 (1): 90-100.
- [29] Matsumoto S, Kundel H L, Gee J C, et al. Hatabu H. Pulmonary nodule detection in

- CT images with quantized convergence index filter [J]. *Medical Image Analysis*, 2006 (10): 343-352.
- [30] Agam G, Arnato S G III, Wu C. Vessel Tree Reconstruction in Thoracic CT Scans With Application to Nodule Detection [J]. *IEEE Trans on medical imaging*, 2005, 24 (4): 486-499.
- [31] Dorin Comaniciu, Ramesh Visvanathan, Meer Peter. Kernel-based Object Tracking. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*. May 2003, IEEE. 25 (5): 564-575.
- [32] Rogers M, Graham J. Robust active shape model search [C] // *Proceedings of the European Conference on Computer Vision*. Denmark, Springer Berlin Heidelberg, 2002, 1 (1): 517-530.
- [33] Wold S, Esbensen K, Geladi P. Principal component analysis [J]. *Chemometrics and intelligent laboratory systems*, 1987, 2 (1-3): 37-52.
- [34] Cootes T F, Hill A, Taylor C J, et al. Use of active shape models for locating structures in medical images [J]. *Image and vision computing*, 1994, 12 (6): 355-365.
- [35] Wojak J, Angelini E D, Bloch, I. Joint variational segmentation of CT-PET data for tumoral lesions [J]. *2010 IEEE Int. Symp. on Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, 2010: 217-220.
- [36] Lim S J, Udupa J K, Souza A, et al. A new General method of 3D model generation for active shape image segmentation [C] // *Proc. of SPIE*, 2006 (6144): 61444B-1.
- [37] Han D, Bayouth J E, Song Q, et al. Globally optimal tumor segmentation in PET-CT images: A graph-based co-segmentation method [J]. *Information Processing in Medical Imaging (IPMI)*, 2011 (6801): 245-256.
- [38] Gribben H, Miller P, Hanna G G, et al. MAP-MRF segmentation of lung tumours in PET-CT image [J]. *IEEE Internation Symposium on Biomedical Imaging*, 2009 (8): 290-293.
- [39] Meng Xi, Qiang Y, Zhu S, et al. Illustration of the obstacles in computerized lung segmentation using examples [J]. *Med Phys*, 2012, 39 (8): 4984-91.
- [40] Kitasaka T, Mori K, Hasegawa J, et al. Lung area extraction from 3-D chest X-ray CT images using a shape model generated by a variable Bézier surface [J]. *Syst. Comput. Jpn.*, 2003, 34 (4): 60-71.
- [41] Pu J, SPaik D, Meng X, et al. Shape break and-repair strategy and its application to automated medical image segmentation [J]. *IEEE Trans. Vis. Comput. Graphics*, 2011, 17 (1): 115-124.
- [42] Wang J, Li Q, Li F, Automated segmentation of lungs with severe interstitial lung

- disease in CT [J]. *Med. Phys.*, 2009, 36 (10): 4592-4599.
- [43] Sluimer I, Prokop M, Ginneken B van. Toward automated segmentation of the pathological lung in CT [J]. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 2005, 24 (8): 1025-1038.
- [44] Shi Yonghong, Qi Feihu, Xue Zhong, Liya Chen, Kyoko Ito, Hidenori Matsuo, Dinggang Shen. Segmenting lung fields in serial chest radiographs using both population-based and Patient-specific shape statistics [J]. *IEEE trans. Med. Imag.*, 2008, 27 (4): 481-494.
- [45] Farag Amal A, Graham James H. A novel approach for lung nodules segmentation in chest CT using Levelsets [J]. *IEEE Trans image processing*, 2013, 22 (12): 5202-5213.
- [46] Lekadir Karim, Merrifield Robert, Yang Guang-zhong. Outlier Detection and Handling for Robust 3-D Active Shape Model Search [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2007, 26 (2): 212-22.
- [47] Sun S, Bauer C, Beichel R. Automated 3-D Segmentation of Lungs With Lung Cancer in CT Data Using a Novel Robust Active Shape Model Approach [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2012, 31 (2): 449-460.
- [48] Cootes T F, Taylor C J, Cooper D H, et al. Active Shape Models Their Training and Application [J]. *Computer Vision and Image Understanding*, 1995, 61 (1): 38-59.
- [49] Hu Shiyong, Hoffman Eric A, Reinhardt Joseph M. Automatic Lung Segmentation for Accurate Quantitation of Volumetric X-Ray CT Images [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2001, 20 (6): 490-498.

地址：北京市百万庄大街22号
邮政编码：100037

电话服务

服务咨询热线：010-88361066

读者购书热线：010-68326294

010-88379203

网络服务

机工官网：www.cmpbook.com

机工官博：weibo.com/cmp1952

金书网：www.golden-book.com

教育服务网：www.cmpedu.com

封面无防伪标均为盗版



机械工业出版社微信公众号

ISBN 978-7-111-59701-8

策划编辑◎沈红

ISBN 978-7-111-59701-8



9 787111 597018 >

定价：69.00元