

基于能量最小化的肾脏计算断层扫描图像分割方法*

张品¹⁾ 梁艳梅^{1)†} 常胜江¹⁾ 范海伦²⁾

1) (南开大学现代光学研究所, 天津 300071)

2) (天津医科大学总医院普通外科, 天津 300052)

(2013年4月23日收到; 2013年7月1日收到修改稿)

随着成像技术的不断发展, 医学图像处理在计算机辅助诊断和病变管理中的重要作用日渐突出, 而计算断层扫描序列图像的肾脏组织分割是其中的关键步骤. 本文结合肾脏序列图像的连续性特征, 提出了一种基于活动轮廓和图割方法的能量最小化分割模型来自动分割肾脏组织. 根据相邻切片图像的形状差异与层间距之间的关系, 计算出序列图像中适合图割优化能量函数的最优范围. 能量函数采用测地活动轮廓模型和 Chan-Vese 模型的综合形式, 兼顾了目标的边界和区域信息. 随后, 利用图割方法优化离散化的能量函数, 驱使活动轮廓逐渐向目标边界靠近, 直至收敛为止. 对 30 组腹腔序列图像进行了算法测试, 实验表明基于能量最小化的分割方法能够有效地提取出序列图像中的肾脏组织, 其分割结果的平均 Dice 系数达到了 93.7%.

关键词: 计算层析, 肾脏分割, 能量最小化, 连续性

PACS: 87.57.nm, 87.57.Q-, 87.57.-s

DOI: 10.7498/aps.62.208701

1 引言

随着计算断层扫描 (computed tomography, CT) 和核磁共振 (magnetic resonance imaging, MRI) 等成像技术^[1,2]的不断发展, 医学图像处理技术^[3-5]已经成为非侵入式计算机辅助诊断系统中不可或缺的关键步骤. 腹腔 CT 图像中肾脏组织的分割方法是肾脏医学图像处理的主要内容之一, 在器官研究、肾病的检验与防治以及拟定治疗计划等方面具有重要的临床价值. 然而, 由于肾脏形状的多样性、腹腔内各组织的灰度和纹理分布的相似性以及可能出现的粘连与噪声影响, 使得准确快速地实现肾脏 CT 图像分割仍存在着一定的挑战.

近年来, 肾脏组织的图像分割方法大致可以分为基于区域生长和能量最小化两类. Pohle 和 Toennies^[6]依据区域相似性和形状特征, 提出了一种可自动学习的区域生长法. Lin 等^[7]利用先验知识来定位肾脏组织, 并提出了一种自适应的区域生

长算法. 尽管这种区域增长的方法在算法的复杂性和计算效率方面具有一定的优势, 但其对种子点的选取较为敏感, 且容易受到粘连的影响. 目前, 基于能量最小化的图像分割方法得到了广泛的应用, 其中可变形模型和图割的方法效果最为显著. Khalifa 等^[8]提出了一种基于水平集的可变形模型, 其速度函数受到形状先验、灰度特征和空间交互性的控制. Gloger 等^[9]采用贝叶斯概率统计, 构建了水平集分割框架来实现肾脏组织的容量分析. 基于可变形模型的分割方法通常采用变分技术, 通过梯度下降法优化能量函数, 这使得能量函数的演化可能会收敛到某一局部最小值, 且具有较高的计算复杂性. 然而, 图割方法基于组合数学理论, 能够解决大多数能量函数的全局优化问题, 是一种有效的能量函数最小化方法. Shim 等^[10]采用种子生长和图割技术, 半自动地分割出 CT 图像中的肾脏组织. Freiman 等^[11]提出了一种无参数的受限图割模型来构建分割框架. 基于图割的活动轮廓模型将能够获得全局最优的图割方法和适用于提取任何形状

* 国家自然科学基金 (批准号: 11374167)、天津市应用基础与前沿技术研究计划重点项目 (批准号: 09JCZDJC18300) 和教育部博士点基金 (批准号: 20090031110033) 资助的课题.

† 通讯作者. E-mail: ymliang@nankai.edu.cn

的活动轮廓模型有效地联系起来, 受到了越来越多的关注. Boykov 和 Kolmogorov^[12] 首次给出了估计活动轮廓长度的理论公式, 并采用图割方法加以优化. Xu 等^[13] 在窄带范围内使用图割方法迭代演化活动轮廓, 弥补了传统活动轮廓模型的算法缺陷. 随后, El-Zehiry 等^[14] 通过图割方法优化水平集能量函数的离散形式, 提高了算法效率. Tao^[15] 也提出了一种基于窄带的迭代图割方法来优化带有区域限制的测地活动轮廓模型.

根据腹腔 CT 图像的肾脏组织特征, 本文提出一种基于活动轮廓和图割方法的能量最小化分割模型, 并结合利用序列图像中肾脏的切片连续性和层间距等有效信息进行肾脏组织的提取. 能量函数采用 Chan-Vese (C-V) 模型和测地活动轮廓模型相结合的形式, 兼顾了目标图像边界性和区域性的需求. 活动轮廓在能量函数的驱使下逐步向肾脏边界迭代演化, 直至其收敛为止. 此外, 根据 CT 序列图像的扫描特性, 计算出相邻切片中肾脏形状变化的最优窄带宽度, 从而确定适合图割优化能量函数的最佳范围. 由于算法在最优的演化范围内进行, 在保证准确性的基础上减少了迭代次数, 很大程度地提高了计算效率. 实验表明该方法能够有效定位和提取肾脏组织.

2 肾脏 CT 序列图像的分割方法

2.1 算法框架

基于活动轮廓和图割方法的能量最小化模型, 本文提出了一种肾脏 CT 图像的自动分割方法, 其算法流程如图 1 所示. 首先, 选取皮质特征明显的中间一张切片图像作为参考图像, 采用皮质特征和 C-V 模型的方法^[16] 确定其肾脏边界轮廓. 随后, 计算适合相邻切片中肾脏形状变化的最优窄带宽度, 从而确定演化范围. 然后, 以参考图像为基准, 向切片组两侧逐步分割肾脏组织, 直至该序列图像中的所有切片均完成分割为止. 在每个切片图像中, 把临近已分割切片的肾脏边界作为初始轮廓, 采用基于活动轮廓与图割方法的分割模型在窄带范围内优化能量函数, 使其达到最小化.

2.2 基于活动轮廓与图割方法的分割模型

给定某一定义域为 Ω 的切片图像 $f(x,y)$, 活动

轮廓曲线 C 的长度为 $L(C)$, 曲线内部区域 Ω_1 和曲线外部区域 Ω_2 的图像灰度平均值分别为 c_1 和 c_2 , 则 C-V 模型^[17] 的能量函数可以表示为

$$E^{CV}(c_1, c_2, C) = \mu \cdot L(C) + \nu \cdot \text{area}(\Omega_1) + \lambda_1 \iint_{\Omega_1} (f(x,y) - c_1)^2 dx dy + \lambda_2 \iint_{\Omega_2} (f(x,y) - c_2)^2 dx dy, \quad (1)$$

其中权值参数 $\mu \geq 0, \nu \geq 0, \lambda_1, \lambda_2 > 0$. C-V 模型能够利用全局区域统计信息, 驱使轮廓曲线在其能量函数的作用下逐步收敛于目标边界, 对具有弱边界目标的医学图像具有较好的分割效果.

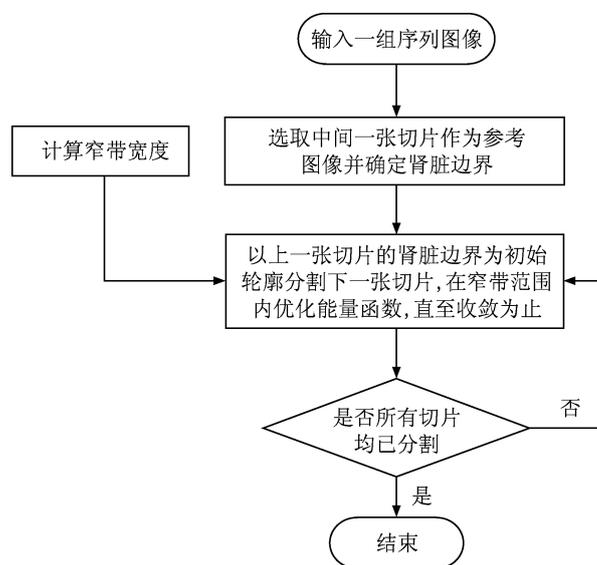


图 1 肾脏 CT 图像的自动分割算法流程图

测地活动轮廓 (GAC) 模型^[18] 是在 snakes 模型的基础上提出的一种参数活动轮廓模型, 它运用图像的梯度信息构造边界检验函数, 减少了参数设置, 具有较高的边界定位精度. GAC 模型的能量函数为

$$E^{GAC}(C) = \int_0^{L(C)} g(C(s)) ds, \quad (2)$$

其中 g 为边界指引函数, 当轮廓曲线到达目标边界时, 其值最小. 它的表达式为

$$g(f) = \frac{1}{1 + \beta |\nabla f|}. \quad (3)$$

GAC 模型和 C-V 模型从两个不同的方面构造能量函数来驱使轮廓曲线的演化, 分别考虑到了图像目标的边界性和区域性信息. 考虑到它们的不同特点, 将这两个模型结合起来, 使其在具有良好边

界定性的同时兼顾图像区域信息的影响,其能量函数为

$$\begin{aligned}
 & E^{\text{GAC-CV}}(c_1, c_2, C) \\
 &= \alpha \int_0^{L(C)} g(C(s)) ds + \lambda_1 \iint_{\Omega_1} (f(x, y) - c_1)^2 dx dy \\
 &+ \lambda_2 \iint_{\Omega_2} (f(x, y) - c_2)^2 dx dy. \quad (4)
 \end{aligned}$$

图割是一种基于图论的组合优化方法,它将图像映射成网络图,通过解决图的切分问题来实现图像分割. 设带有非负边权的网络图 $G = (V, E, W)$, V 为顶点集,对应图像中的像素点; E 为边集,表示像素点之间的连接; W 为边权,代表边集上的权值大小. 像素点与源点 s 和汇点 t 的连接为 t -link, 相邻像素点内部之间的连接为 n -link, 也就是说,边集 E 是由 t -link 和 n -link 组成的,而且每个像素 p 都两个 t -link($\{p, s\}, \{p, t\}$) 和一个 n -link($\{p, q\} \in N$). 图割方法的目的是通过求解能量函数的最小值来得到网络图的最大流/最小割,从而将网络图 G 分成两个互不相交的子集 S 和 T .

采用图割方法优化能量函数,需要将其离散化为网络图的形式. Boykov 和 Kolmogorov^[12] 提出了以网络图的形式近似计算曲线长度的方法,为活动轮廓模型的图割优化提供了有利的条件. 利用 Cauchy-Crofton 公式,曲线长度的离散形式为

$$\begin{aligned}
 \text{length}(C) &\approx \sum_{k=1}^n n_c(k) \cdot w_k \\
 &\approx \sum_{k=1}^n n_c(k) \cdot \frac{\delta^2 \Delta \theta_k}{2|e_k|}, \quad (5)
 \end{aligned}$$

其中 $n_c(k)$ 为曲线 C 与第 k 组边缘线交点的数目, δ 为网络图的网格单位长度, e_k 是连接两个网络结点的最短长度矢量, $\Delta \theta_k$ 为相邻两个 e_k 之间的夹角, w_k 为第 k 组边缘线的权重. 本文采用 8 邻域系统且设置网格 δ 长度为 1, 则 $|e_k|$ 在水平和垂直方向上的值为 1, 其余方向上的值为 $\sqrt{2}$.

对于图像域中每一个像素 p , 二值化的网格函数定义为

$$x_p = \begin{cases} 1 & p \in \Omega_1 \\ 0 & p \in \Omega_2 \end{cases}. \quad (6)$$

那么,能量函数 (4) 式的离散化形式可以表示为

$$E^{\text{GAC-CV}} = \alpha \sum_p \sum_{q \in N(p)} \frac{w_{pq}((1-x_p)x_q + x_p(1-x_q))}{1 + \beta |f(p) - f(q)|}$$

$$\begin{aligned}
 & + \lambda_1 \sum_p (f(p) - c_1)^2 x_p \\
 & + \lambda_2 \sum_p (f(p) - c_2)^2 (1 - x_p), \quad (7)
 \end{aligned}$$

其中区域均值 c_1 和 c_2 的表达式为

$$\begin{aligned}
 c_1 &= \frac{\sum_p f(p)x_p}{\sum_p x_p}, \quad (8) \\
 c_2 &= \frac{\sum_p f(p)(1-x_p)}{\sum_p (1-x_p)}. \quad (9)
 \end{aligned}$$

在 (7) 式中, 右边第一项对应于网络图的 n -link, 代表相邻像素点之间的边权; 第二、三项对应于 t -link, 表示像素点与源点和汇点之间的边权, 其中源点和汇点分别代指区域均值 c_1 和 c_2 . 可以看出, n -link 中相同子集像素点的能量函数值小于不同子集像素点的能量函数值, 满足图割方法的优化条件^[19]

$$E^{p,q}(0, 0) + E^{p,q}(1, 1) \leq E^{p,q}(0, 1) + E^{p,q}(1, 0). \quad (10)$$

2.3 窄带宽度的计算

通过膨胀当前曲线, 可以形成窄带区域, 从而获得活动轮廓的演化范围. 因此, 窄带宽度的界定是影响分割结果的一个重要因素. 宽度过小, 会使轮廓曲线陷入局部极小; 宽度过大, 可能收敛到另一目标区域. 针对 CT 序列图像的分割, 我们认为可以基于相邻切片之间的上下文连续性进行窄带宽度的取值.

CT 序列成像扫描技术通常是将三维的生物组织信息以一组间隔很小的二维图像的形式表示出来. 为了保证组织信息的完整性, 相邻切片的层间距一般会设置得足够小, 这使得采集的相邻层析图像之间的变化不大, 存在一定的上下文连续性^[20,21]. 这种连续性对于序列图像的目标分割和特征提取具有重要意义, 有助于预先估计生物组织的灰度、纹理和形状等信息. 在文献 [22] 中, 根据肾脏 CT 序列图像中相邻切片的层间距, 拟合出了描述肾脏组织形状差异的经验公式:

$$f(t) = 0.55t + 0.83, \quad (11)$$

其中 t 为序列图像的层间距 (单位为 mm), $f(t)$ 为其形状差异期望. 在序列扫描的成像过程中, 层间距

是已经设定好的, 间距越小, 图像信息越完整, 存储量也就越大. 通过切片的层间距, 可以由 (11) 式大致获得相邻图像之间肾脏组织的形状差异期望. 这个期望值可以看作是初始轮廓向内或向外演化到目标轮廓的范围, 即窄带宽度的一半. 因此, 窄带宽度的取值可以表示为

$$d = 2 \cdot (0.55t + 0.83) \cdot n, \quad (12)$$

其中 d 为窄带宽度 (单位为像素数), n 为每毫米的生物组织所对应的像素数, 等式括号内为形状差异期望.

3 实验结果与分析

为了验证所提出的算法, 本文对 30 组不同时期的序列图像进行了算法测试. 每组序列图像含有 40—44 张分辨率为 490×389 或 575×495 的切片图像. 在这些序列图像中, 有一半的肾脏组织有不同程度的病变, 使肾脏产生了不规则的变形. 相邻

切片之间的层间距 t 为 5 mm. 这些切片中每个像素代表约 $0.71 \text{ mm} \times 0.71 \text{ mm}$ 的组织面积, 由此算出每毫米的生物组织所对应的像素数 n 为 1.4. 根据 (12) 式且经过取整操作, 本文窄带宽度取为 10. 实验平台采用 Intel Core 3.09 GHz 的 PC 电脑, 其内存为 1.98 GB.

图 2 给出了某一切片中由本文方法得到的自动分割结果 (红色曲线) 和人工分割结果 (绿色曲线). 可以看出, 两者的区别不大, 曲线的大部分轮廓处于相互叠加的状态. 因此, 基于活动轮廓和图割方法的分割模型能够获得较为满意的肾脏组织边界.

为了更好地说明层析扫描成像的上下文连续性, 本文列举了两组不同序列图像中连续 5 张切片的自动分割结果 (红色曲线), 其中第一组切片的右肾明显出现癌变的情况, 造成组织畸变. 在实验中, 将已分割的边界曲线作为相邻切片中肾脏组织的初始轮廓, 再通过能量最小化的分割模型演化活动轮廓, 直至其收敛为止.

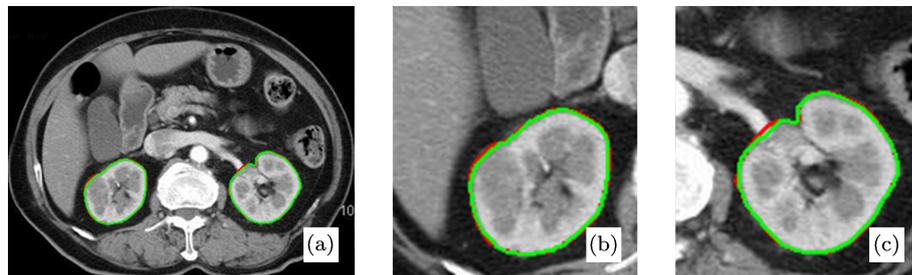


图 2 肾脏 CT 图像自动分割与人工分割结果的比较 (a) 腹腔切片图像分割结果对比; (b) 和 (c) 分别为 (a) 中右肾和左肾的放大效果显示; 红色为自动分割结果, 绿色为人工分割结果

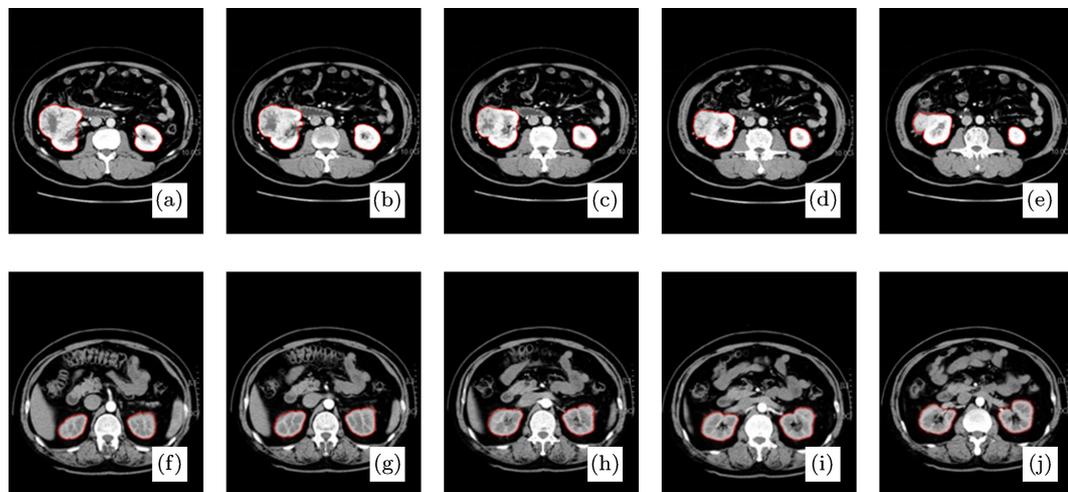


图 3 两组序列图像中连续 5 张切片图像的分割结果 (a)—(e) 和 (f)—(j) 分别代表两组不同的序列图像, 红色为分割出的肾脏边界曲线

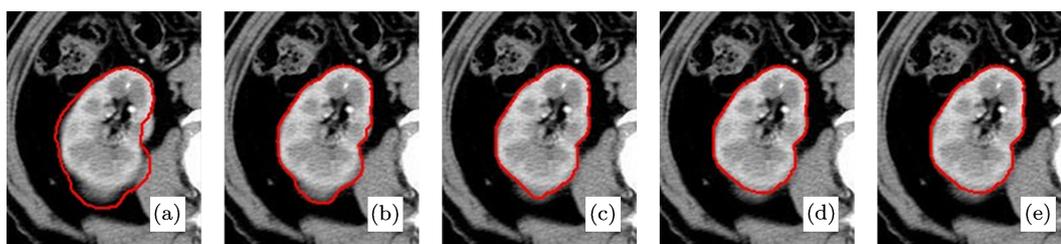


图4 某一个切片图像中右肾的活动轮廓演化过程 (a)为初始轮廓; (b)—(e)依次为4次迭代的演化结果; 红色曲线代表活动轮廓

图4为单个切片图像中活动轮廓的演化过程, 该切片经过四次迭代达到收敛, 使能量函数获得最小值. 可以看出, 在能量函数的作用下, 活动轮廓逐渐向目标边界靠近. 刚开始迭代时, 轮廓形状的变化较大, 但随着演化过程的进行, 这种变化越来越细微, 直到其恒定在某一状态时达到收敛, 此时的轮廓曲线即为最终的肾脏组织分割结果.

为了定量地说明本文算法的有效性, 采用 Dice 系数 $DSC^{[23]}$ 这一衡量指标对数据库中的 30 组序列图像分割结果进行评价, 如图 5 所示. DSC 的表达式为

$$DSC(\%) = \frac{2 \times |A \cap B|}{|A| + |B|} \times 100, \quad (13)$$

其中 A 为自动分割结果, B 为人工分割结果. 当 DSC 为 100 时, A 和 B 完全匹配, 达到最佳分割效果; 当 DSC 为 0 时, A 和 B 完全不重叠. 从图 5 列举的数据曲线可知, 30 组序列图像的 DSC 平均值稳定在 90.76% 到 96.21% 之间的范围内, 其标准差为 1.57%, 基本达到了所需要的临床分割要求, 能够很好地提取出腹腔图像中的肾脏组织. 在实验过程中, 计算机完成每组序列图像的分割过程平均耗时 43.68 s, 每幅切片图像 (包括左右肾脏) 的平均处理时间为 1.04 s. 文献 [20] 提出基于序列图像连续性特征的肾脏 CT 图像分割框架, 在初分割过程中, 作者采用传统的可变形模型, 使得能量函数的演化具有较高的计算复杂性. 此外, 该分割框架的处理步骤较多, 也在一定程度上影响了算法的计算效率. 采用该框架实现肾脏 CT 图像的分割, 每张切片的平均处理时间约为 28 s. 而本文在窄带区域内采用

基于活动轮廓和图割方法的能量最小化模型自动化分割肾脏 CT 图像, 在计算效率上具有明显的优势, 大大缩短了运算时间.

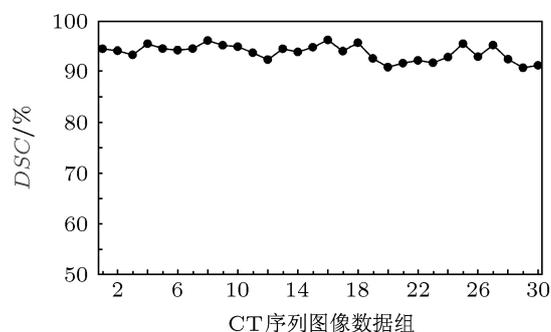


图5 CT 序列图像中肾脏分割的 DSC 值

4 结论

根据 CT 序列图像的肾脏组织特征, 本文提出了一种基于活动轮廓和图割方法的能量最小化分割模型, 能够有效地定位和提取肾脏组织. 通过融合序列图像的上下文连续性和层间距等信息特征, 将能量最小化模型依次应用于各层切片图像的肾脏分割中. 能量函数采用 GAC 模型和 C-V 模型相结合的形式, 兼顾了目标边界性和区域性的影响. 本文通过近似方法离散能量函数, 并使用图割方法加以优化, 使活动轮廓在窄带范围内迭代演化直至收敛. 窄带区域的宽度根据相邻切片图像的形状差异与层间距之间的关系计算得出. 由于算法在最优的演化区域内进行, 减少了能量最小化模型的运算范围, 保证了计算效率.

[1] Wang L Y, Li L, Yan B, Jiang C S, Wang H Y, Bao S L 2010 *Chin. Phys. B* **19** 088106

[2] Xu Y, Wang W T, Wang W M 2012 *Chin. Phys. B* **21** 118704

[3] Deserno T M, Aach T, Amunts K, Hillen W, Kuhlen T, Scholl I 2011 *Comput. Sci. Res. Dev.* **26** 1

[4] Yao C, Chen H J, Yang Y Y, Li Y F, Han Z Z, Zhang S J 2013 *Acta*

- Phys. Sin.* **62** 088702 (in Chinese) [姚畅, 陈后金, Yang Yong-Yi, 李艳凤, 韩振中, 张胜君 2013 物理学报 **62** 088702]
- [5] Pham D L, Xu C, Prince J L 2000 *Annu. Rev. Biomed. Eng.* **2** 315
- [6] Pohle R, Toennies K D 2001 *Image Process. Commun.* **7** 992113
- [7] Lin D T, Lei C C, Hung S W 2006 *IEEE Trans. Inf. Technol. Biomed.* **10** 59
- [8] Khalifa F, Gimel'farb G, El-Ghar M A, Sokhadze G, Manning S, McClure P, Ouseph R, El-Baz A 2011 *18th IEEE International Conference on Image Processing (ICIP)* Brussels, Belgium, September 11–14, 2011 p3393
- [9] Gloger O, Tonnie K D, Liebscher V, Kugelmann B, Laqua R, Volzke H 2012 *IEEE Trans. Med. Imaging* **31** 312
- [10] Shim H, Chang S, Tao C, Wang J H, Kaya D, Bae K T 2009 *J. Comput. Assist Tomogr.* **33** 893
- [11] Freiman M, Kronman A, Esses S J, Joskowicz L, Sosna J 2010 *Proceedings of the Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)* Beijing, China, September 20–24, 2010 p73
- [12] Boykov Y, Kolmogorov V 2003 *Proceedings of International Conference on Computer Vision* Nice, France, October 13–16, 2003 p26
- [13] Xu N, Ahuja N, Bansal R 2007 *Comput. Vis. Image Und.* **107** 210
- [14] El-Zehiry N, Xu S, Sahoo P, Elmaghraby A 2007 *The Seventh IASTED International Conference on Visualization, Imaging and Image Processing* Palma de Mallorca, Spain, August 29–31, 2007 p182
- [15] Tao W 2012 *IEEE Trans. Image Process.* **21** 284
- [16] Zhang P, Liang Y M, Chang S J 2013 *J. Optoelectron.-Laser* **24** 602 (in Chinese) [张品, 梁艳梅, 常胜江 2013 光电子·激光 **24** 602]
- [17] Chan T F, Vese L A 2001 *IEEE Trans. Image Process.* **10** 266
- [18] Caselles V, Kimmel R, Sapiro G 1997 *Int. J. Comput. Vision* **22** 61
- [19] Kolmogorov V, Zabih R 2004 *IEEE Trans. Pattern Anal.* **26** 147
- [20] Zhao E W, Liang Y M, Fan H L 2013 *Opt. Commun.* **290** 55
- [21] Ding M, Chiu B, Gyacskov I, Yuan X, Drangova M, Downey D B, Fenster A 2007 *Med. Phys.* **34** 4109
- [22] Zhao E W 2012 *M. S. Dissertation* (Tianjin: Nankai University) (in Chinese) [赵恩伟 2012 硕士学位论文 (天津: 南开大学)]
- [23] Zou K H, Warfield S K, Bharatha A, Tempny C M C, Kaus M R, Haker S J, III W M W, Jolesz F A, Kikinis R 2004 *Acad. Radiol.* **11** 178

Kidney segmentation in computed tomography sequences based on energy minimization*

Zhang Pin¹⁾ Liang Yan-Mei^{1)†} Chang Sheng-Jiang¹⁾ Fan Hai-Lun²⁾

1) (Institute of Modern Optics, Nankai University, Tianjin 300071, China)

2) (Department of General Surgery, Tianjin Medical University General Hospital, Tianjin 300052, China)

(Received 23 April 2013; revised manuscript received 1 July 2013)

Abstract

With the continuous development of medical imaging technology, medical image processing has played an increasingly prominent role in computer-aided diagnosis and disease management. Kidney segmentation in abdominal computed tomography (CT) sequences is a key step. In this paper, combining with the contextual property of renal tissues, a new energy minimization model based on active contour and graph cuts is proposed for kidney extraction in CT sequence. According to the relationship between the shape difference in adjacent slices and corresponding layer thickness, the optimal search range of the contour evolution is calculated for graph cut optimization. The energy function, combining the geodesic active contour with Chan-Vese model, takes into account the boundary and regional information. Then, graph cut methods are used to optimize the discrete energy function and drive the active contour towards object boundaries. Thirty abdominal CT sequences are used to evaluate the accuracy and effectiveness of the proposed algorithm. The experimental results reveal that this approach can extract renal tissues in CT sequences effectively and the average Dice coefficient reaches about 93.7%.

Keywords: computed tomography, kidney segmentation, energy minimization, contextual continuity

PACS: 87.57.nm, 87.57.Q-, 87.57.-s

DOI: 10.7498/aps.62.208701

* Project supported by the National Natural Science Foundation of China (Grant No. 11374167), the Research Project of Application Basis and Frontier Technology of Tianjin, China (Grant No. 09JCZDJ18300), and the Doctoral Fund of Ministry of Education of China (Grant No. 20090031110033).

† Corresponding author. E-mail: ymliang@nankai.edu.cn