

基于改进模糊指数熵双阈值的3维 人体图像分割优化算法

王毅¹⁾ 牛奕龙²⁾ 齐华¹⁾ 齐敏¹⁾ 郝重阳¹⁾

¹⁾(西北工业大学电子信息学院,西安 710072) ²⁾(西北工业大学航海学院,西安 710072)

摘要 由于3维人体图像数据量大,导致分割耗时严重;人体组织间灰度差异相对较小,致使分割效果不佳。针对上述3维分割的两大难点问题,提出了改进的模糊指数熵函数来改善分割结果,并以加权免疫遗传算法(WIGA)对阈值进行优化搜索,从而提出了一种基于改进模糊指数熵双阈值的3维图像分割优化算法。真实人体胸部数据的分割结果表明,与传统熵函数及模糊隶属度函数相比,改进的最大模糊指数熵函数得到的阈值分割效果更好,且提出的WIGA算法的耗时仅为传统穷尽搜索法的14%。在与简单遗传算法(SGA)和免疫遗传算法(IGA)耗时基本相同的情况下,100次阈值计算结果表明,本文算法更加精确、稳定。

关键词 3维图像分割 模糊指数熵 免疫遗传算法

中图法分类号:TP391.41 文献标识码:A 文章编号:1006-8961(2008)09-1733-07

An Optimization Algorithm of 3D Human Images Segmentation with Two Thresholds Based on Improved Fuzzy Exponential Entropy

WANG Yi¹⁾, NIU Yi-long²⁾, QI Hua¹⁾, QI Min¹⁾, HAO Chong-yang¹⁾

¹⁾(College of Electronic Information, Northwestern Polytechnical University, Xi'an 710072)

²⁾(College of Marine, Northwestern Polytechnical University, Xi'an 710072)

Abstract There are two important and arduous problems in 3D human images segmentation. One of them is that the large amount of data volume makes it extremely time consuming. The other is that it is difficult to segment some organs and tissues because the differences of their gray-levels are relatively small. This paper proposes an optimization algorithm of 3D segmentation with two thresholds based on improved fuzzy exponential entropy by modifying the maximum fuzzy exponential entropy function, which makes the segmentation much better, and searching the optimal thresholds using the Weighting Immune Genetic Algorithm (WIGA). The experiments on the real thoracic data showed the maximum fuzzy exponential entropy function in this paper obtained better thresholds than the traditional entropy function and the fuzzy function. The searching time of WIGA is about 14 per cent of the complete searching time. Moreover, 100 calculations for thresholds showed the optimization algorithm in this paper was more precise and stable compared with the Simple Genetic Algorithm (SGA) and the Immune Genetic Algorithm (IGA) without increasing the time-consumption.

Keywords 3D image segmentation, fuzzy exponential entropy, immune genetic algorithm

基金项目:国家博士点基金项目(20040699015)

收稿日期:2007-01-15;改回日期:2007-04-09

第一作者简介:王毅(1979~),女。讲师。西北工业大学电子信息学院信息与通信工程专业博士研究生。主要从事图像处理、3维可视化等方面的研究。E-mail:wangyi79@nwpu.edu.cn

1 引言

图像阈值分割是应用最为广泛的一种图像分割方法,它通常是利用图像的灰度特征来选择一个或一组最佳灰度阈值,并将图像中的像素点按照阈值划分为若干个区域,从而提取出感兴趣的目标。使用最大熵原则选取 2 维图像的阈值,首先由 Pun 提出^[1,2],随后 Kapur 等人又进行了发展^[3],从而形成现今较为流行的 KSW 熵阈值法。然而,对图像的处理和识别必须充分考虑图像自身的特点和人的视觉特性:(1)成像过程是多到一的映射过程(3 维景物仅以灰度形式表现),决定了图像本身存在诸多模糊性;(2)人的视觉对于彩色图像的颜色变化较为敏感,而对灰度图像从黑到白的灰度级变化则较为模糊。基于此,Pal 等人于 1983 年提出了模糊集与熵相结合的模糊熵阈值法^[4]。

由于人体组织结构的复杂性,其 3 维图像的分割一直是图像分割技术中的难点问题,特别是能包含边界内体素信息、适用于体绘制的 3 维分割问题^[5]。用于 2 维图像分割的阈值法为人们进行 3 维图像分割提供了一种简便可行的思路,但由于上述关于人体组织、器官的 3 维图像具有模糊性,简单阈值法的处理结果难以清楚区分人体的重要组成部分。采用文献[6]中的模糊隶属度函数进行模糊熵双阈值 3 维分割实验,分割效果有了一定提高,但这种算法仍存在以下不足之处:

(1)任意灰度级的隶属度函数之和不为 1,与隶属度意义不符;

(2)传统熵函数中采用了对数函数 $\ln(\mu \cdot p)$,当 $\mu \cdot p$ 很小,趋近于零时,该对数函数将变得很大^[7];

(3)3 维图像数据量大,穷尽搜索(CS)算法非常耗时。虽然遗传算法、免疫遗传算法等算法能够大幅加快阈值搜索速度^[8-10],但由于阈值对熵函数最大值的变化较为敏感,因此对寻优的精确性、稳定性要求较高。

针对上述问题,提出了一种基于改进的最大模糊指数熵函数的分割算法,利用最大模糊指数熵准则确定 3 维图像的模糊区域,用指数函数代替传统熵函数中的对数函数,以改善传统熵函数用于图像分割时的不足,从而确定图像的两个最佳分割阈值。同时,改进的免疫遗传算法——加

权免疫遗传算法(WIGA)也体现出了在优化算法方面的稳定性和精确性。

2 对最大模糊指数熵双阈值法的改进

若图像中有多个目标需要提取,其灰度直方图往往是多峰的,这时需采用多阈值分割。假设图像中只有目标 1、2、3(背景灰度值为 0,忽略不计)3 类模式待分割。

依据模糊集合理论,对于论域 X 上的模糊集合 A ,可以由隶属度函数 $\mu_A(x)$ 来表示, $0 \leq \mu_A(x) \leq 1$, $\mu_A(x)$ 的值反映了 X 中的元素 x 对于 A 的隶属程度。对于任给的 $x \in X$,都有唯一确定的隶属度函数 $\mu_A(x) \in [0,1]$ 与之对应,即 $\mu_A(x)$ 是从 X 到 $[0,1]$ 上的一个映射,它唯一地确定了模糊集合 A ; A 一般可表示为 $A = \{(x, \mu_A(x)), x \in X\}$ 。若 X 是有限集或可数集, A 可表示为 $A = \sum \mu_A(x_i)/x_i$; 若 X 是无限不可数集, A 可表示为 $A = \int_X \mu_A(x)/x dx$ 的积分形式^[9]。

给定阈值 t_1, t_2 后,定义原始图 G 关于模糊集合 1,2,3 的隶属度函数如下:

$$\mu_1(g; t_1, t_2, G) = \begin{cases} 1 - \frac{2}{3} \left| \frac{g - m_1(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & 0 \leq g \leq t_1 \\ \frac{1}{3} \left| \frac{g - m_2(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & t_1 < g \leq t_2 \\ \frac{1}{3} \left| \frac{g - m_3(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & t_2 < g \leq L - 1 \end{cases} \quad (1)$$

$$\mu_2(g; t_1, t_2, G) = \begin{cases} \frac{1}{3} \left| \frac{g - m_1(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & 0 \leq g \leq t_1 \\ 1 - \frac{2}{3} \left| \frac{g - m_2(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & t_1 < g \leq t_2 \\ \frac{1}{3} \left| \frac{g - m_3(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & t_2 < g \leq L - 1 \end{cases} \quad (2)$$

$$\mu_3(g; t_1, t_2, G) = \begin{cases} \frac{1}{3} \left| \frac{g - m_1(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & 0 \leq g \leq t_1 \\ \frac{1}{3} \left| \frac{g - m_2(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & t_1 < g \leq t_2 \\ 1 - \frac{2}{3} \left| \frac{g - m_3(t_1, t_2)}{C} \right|^\alpha & t_2 < g \leq L - 1 \end{cases} \quad (3)$$

式中, t_1 、 t_2 为待选阈值; $L = 256$ 为灰度级数; α 为类内元素对均值的紧致度参数, 可描述诸如大约、接近、相似等模糊语义, $\alpha \geq 0$; 常数 C 为归一化因子; 类内均值 $m_1(t)$ 、 $m_2(t)$ 、 $m_3(t)$ 由直方图 $h(g)$ 估计如下:

$$m_1(t_1, t_2) = \frac{\sum_{g=0}^{t_1} gh(g)}{t_1} \quad (4)$$

$$m_2(t_1, t_2) = \frac{\sum_{g=t_1+1}^{t_2} gh(g)}{t_2} \quad (5)$$

$$m_3(t_1, t_2) = \frac{\sum_{g=t_2+1}^{L-1} gh(g)}{L-1} \quad (6)$$

与文献[6]中隶属度函数不同的是, 这里采用的隶属度函数——式(1)、式(2)、式(3)的任意灰度级之和 $\mu_1 + \mu_2 + \mu_3$ 总为 1, 与模糊隶属度函数的意义相符。

对于传统熵函数, 当隶属度函数 $\mu(g)$ 接近或等于 0 时, $\ln \mu(g)$ 趋于无穷大, 因而应用时应对 $\mu(g)$ 接近或等于 0 的情况加以考虑, 可以采用更符合图像处理实际情况的指数熵算子来进行改进^[7]。定义图像的模糊指数总熵为

$$H(G) = C \sum_{g=0}^{L-1} \left\{ \frac{\mu_1(g)h(g)}{\sum_{g=0}^{L-1} \mu_1(g)h(g)} \exp\left(1 - \frac{\mu_1(g)h(g)}{\sum_{g=0}^{L-1} \mu_1(g)h(g)}\right) + \frac{\mu_2(g)h(g)}{\sum_{g=0}^{L-1} \mu_2(g)h(g)} \exp\left(1 - \frac{\mu_2(g)h(g)}{\sum_{g=0}^{L-1} \mu_2(g)h(g)}\right) + \frac{\mu_3(g)h(g)}{\sum_{g=0}^{L-1} \mu_3(g)h(g)} \exp\left(1 - \frac{\mu_3(g)h(g)}{\sum_{g=0}^{L-1} \mu_3(g)h(g)}\right) \right\} \quad (7)$$

式中, $\mu_1(g)$ 、 $\mu_2(g)$ 与 $\mu_3(g)$ 分别采用式(1)、式(2)、式(3)的定义; C 为常数项, 计算时可取 $C = 1$ 。3 维分割所选择的最优阈值即使式(7)最大的 t_1 、 t_2 值。

3 加权免疫遗传优化算法的提出

免疫遗传算法(IGA)借鉴生物免疫机制对简单

遗传算法(SGA)进行了有效改进, 主要有如下几方面: (1) 利用信息熵理论估计种群的多样性; (2) 计算两个体间的亲和度; (3) 计算种群中相似个体的浓度。与 SGA 算法相比, 用于图像分割等复杂优化问题时, IGA 算法将更具优势^[10,11]。

设种群中有 N 个抗体(即个体), 每个抗体编码长度为 M , 所用符号集中符号的个数为 S , 则抗体基因座 j 的信息熵可定义为

$$H_j(N) = \sum_{i=1}^S -p_{ij} \log p_{ij}$$

式中, p_{ij} 为第 i 个符号出现在基因座 j 上的概率。与文献[11]提出的 IGA 算法不同, 本文在定义抗体的平均信息熵时采用了加权平均, 提出了一种新的加权免疫遗传优化算法(WIGA)。

对于灰度图像, 灰度级在 0 ~ 255 之间, 因此采用 16 位的二进制数来表示两个阈值 t_1 和 t_2 (即 $M = 16$, $S = 2$): 高 8 位为 t_1 , 低 8 位为 t_2 。由于这种二进制编码的高 8 位和低 8 位均存在如下特性: 其高位的变化对十进制阈值产生的影响比低位

更加显著, 因此给抗体的总信息熵 $\sum_{j=1}^M H_j(N)$ 的每一项赋予不同的权系数 a_j , 则平均熵由传统的

$H_a(N) = \sum_{j=1}^M H_j(N) / M$ 变为加权平均熵:

$$\begin{cases} H_w(N) = \sum_{j=1}^M a_j H_j(N) \\ a_j = \frac{2^{\text{rem}(M/8) - 1}}{\sum_{k=1}^8 2^k} \end{cases} \quad (8)$$

式中, $\text{rem}()$ 表示求余数。由于加权系数为不同基因座的信息熵分配了不同的权重, 细化了各抗体间的区别, 据此计算的亲和度能够更精确地跟踪抗体间的差异, 因此比传统的平均熵更能体现种群的多样性, 使免疫遗传算法的种群更迭过程不会因抗体多样性降低而损失稳定性和精度。

4 本文算法实现步骤

采用 WIGA 算法, 搜索上述改进的模糊指数熵双阈值法的最优阈值, 从而提出一种新的 3 维人体图像分割优化算法, 具体实现步骤如下:

(1) 随机创建初始种群, 即生成 N 个抗体(个体), 并编码(16 位二进制数);

(2) 估计种群中每个个体的适应度值。如果达

到最大遗传进化代数 D , 则结束运行, 并得到最大模糊熵和阈值; 否则, 继续;

(3) 采用式 (7) 的模糊指数熵函数作为适应度函数, 执行加权免疫遗传选择、交叉 (交叉概率为 p_c) 及变异 (变异概率为 p_m) 运算;

(4) 生成下一代, 并返回步骤 2。

5 实验结果与分析

实验用 3 维图像是从 CT 机拷贝的真实人体胸部 DICOM 格式数据。如图 1(a) 所示为人体穿着毛衣躺在 CT 机床板上, 因此该数据最外层有与肺部灰度近似的网状物, 且背后还存在一灰度值较大的

平面物体。图 1(b) ~ (d) 分别为该 3 维图像轴状位第 86 片 (共 170 片)、矢状位第 129 片 (共 256 片) 和冠状位第 129 片 (共 256 片) 的 2 维视图 (图中编号从 0 开始)。分割的目的是将肺部和骨骼分别从其他组织 (包括肌肉、血管等等) 当中提取出来。由图 1 可以明显看出, 由于骨骼体素较少且与其他组织灰度级差别较小, 用传统最大熵阈值法分割骨骼有一定困难。

利用 SGA、IGA 和 WIGA 算法对分割算法进行优化时的参数选择如下: 种群规模 $N = 30$, 最大进化代数 $D = 150$, 交叉率 $p_c = 0.8$, 变异率 $p_m = 0.05$ 。此外, 给定式 (1) ~ (3) 的隶属度函数参数 $\alpha = 1$, $C = 255$ 。

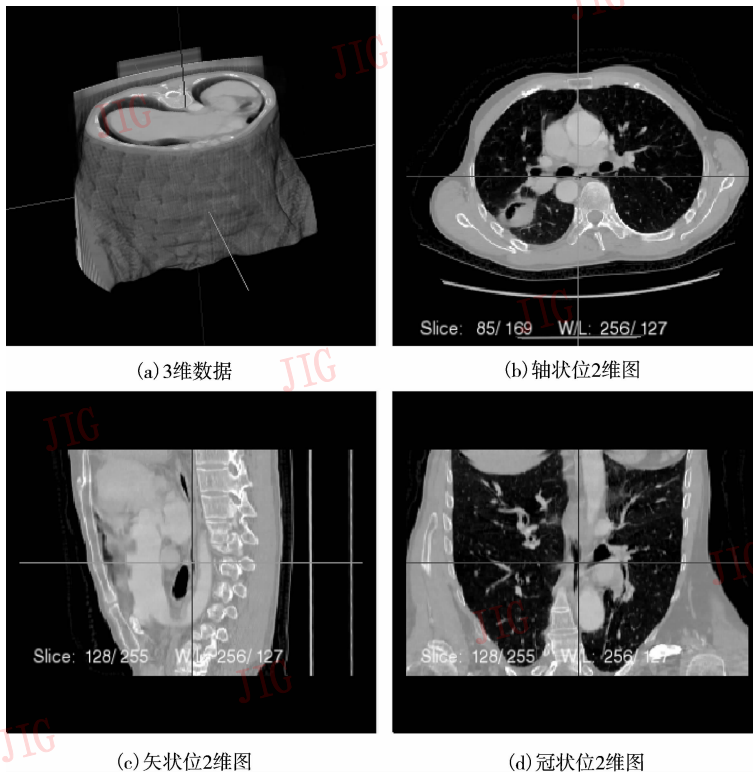


图 1 原始 3 维人体图像

Fig. 1 Original 3D human images

首先, 为了检验、对比不同阈值分割方法的分割效果, 将使用本文算法分别与采用传统熵函数的阈值法 (称为算法 (1))、文献 [8] 的采用四参数 S 形模糊隶属度函数的模糊熵阈值法 (称为算法 (2)) 以及采用文献 [6] 的模糊隶属度函数的模糊熵阈值法 (称为算法 (3)) 的结果进行了比较。图 2 ~ 5 所示为穷尽法 (所得结果是真实值) 分别对算法 1、算法 2、算法 3 以及本文阈值分割算法进

行搜索得到的结果, 阈值 (t_1, t_2) 分别为 (48, 125)、(42, 127)、(51, 150) 和 (90, 192)。显然, 算法 1、算法 2、算法 3 虽可将肺部分割出来, 但对于骨骼部分则显得无能为力。虽然算法 3 在对骨骼的分割方面有了一定改善, 但效果依然不佳。本文算法在保证较准确地提取出肺部组织的基础上, 对骨骼的分割结果基本不再含有其他组织成分, 效果明显好于其他算法。

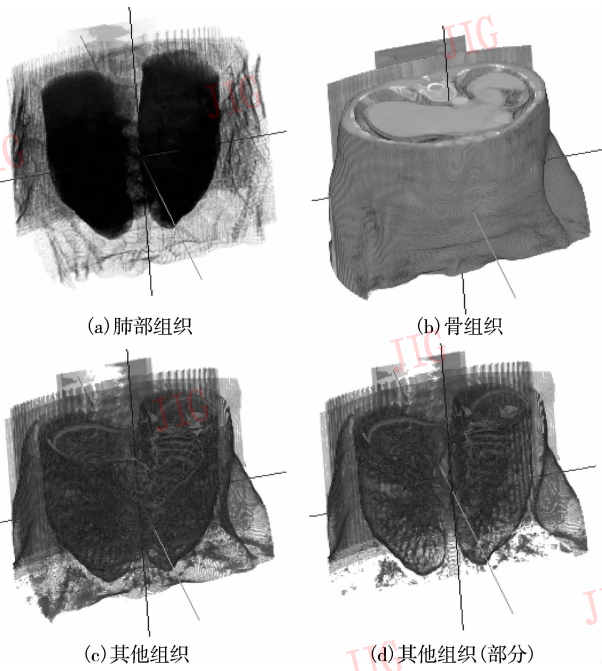


图 2 算法 1 分割结果
Fig. 2 Results of the algorithm 1

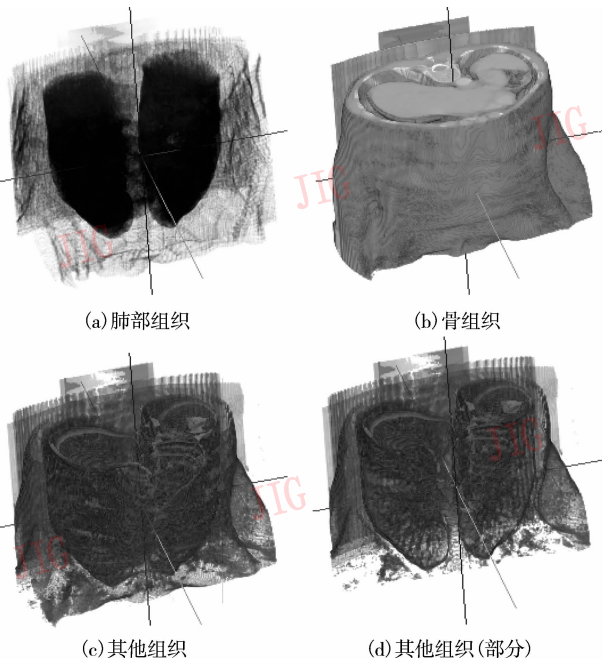


图 3 算法 2 分割结果
Fig. 3 Results of the algorithm 2

同的情况下,从阈值和最大模糊指数熵的平均值、相对误差、绝对误差来看,WIGA 算法搜索结果更接近真实值,更加精确;从 100 次计算结果的方差来看,WIGA 算法与其他算法相比又是最稳定的(各次计算结果波动最小)。

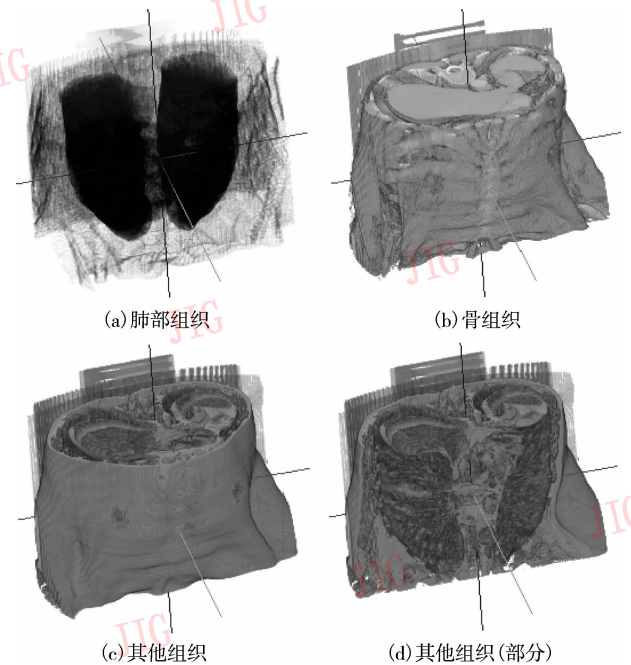


图 4 算法 3 分割结果
Fig. 4 Results of the algorithm 3

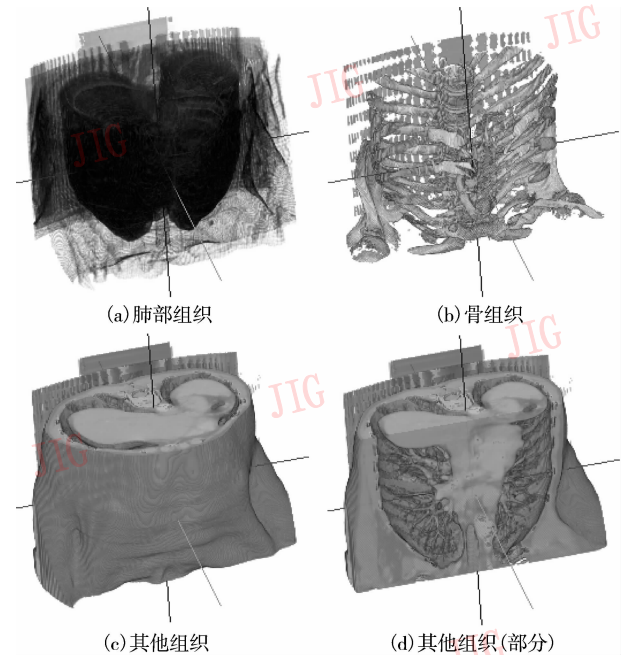


图 5 本文算法分割结果
Fig. 5 Results of our algorithm

其次,表 1 比较了 CS、SGA、IGA 和 WIGA 对本文模糊指数熵算法的寻优性能。除 CS 算法结果外,表中数据均为 100 次计算的平均结果。从算法耗时来看,WIGA 算法将 CS 算法的分割运算时间缩短了大约 86%。同时,在与 SGA、IGA 耗时基本相

表 1 阈值搜索算法性能对比

Tab. 1 Performance contrast of searching algorithms

| 算法 | 结果 | 平均值 E | 绝对误差 Δ | 相对误差 r | 方差 σ | 耗时 t (s) |
|------|----------------|-------------|--------------------------|--------------------------|---------------------------|------------|
| CS | 阈值 t_1 | 90 | 0 | 0 | 0 | |
| | 阈值 t_2 | 192 | 0 | 0 | 0 | 5 272 |
| | 最大熵 H_{\max} | 6.922 425 6 | 0 | 0 | 0 | |
| SGA | 阈值 t_1 | 93.61 | 3.61 | 0.040 1 | 22.543 3 | |
| | 阈值 t_2 | 191.31 | 0.69 | 0.004 3 | 1.003 9 | 740 |
| | 最大熵 H_{\max} | 6.922 058 7 | $3.669 0 \times 10^{-4}$ | $5.300 4 \times 10^{-5}$ | $8.226 1 \times 10^{-7}$ | |
| IGA | 阈值 t_1 | 91.64 | 1.64 | 0.018 2 | 12.333 7 | |
| | 阈值 t_2 | 191.71 | 0.29 | 0.001 8 | 0.450 4 | 742 |
| | 最大熵 H_{\max} | 6.922 309 1 | $1.165 0 \times 10^{-4}$ | $1.683 4 \times 10^{-5}$ | $2.808 9 \times 10^{-7}$ | |
| WIGA | 阈值 t_1 | 90.99 | 0.99 | 0.011 0 | 5.343 3 | |
| | 阈值 t_2 | 191.84 | 0.16 | $9.876 5 \times 10^{-4}$ | 0.135 8 | 743 |
| | 最大熵 H_{\max} | 6.922 415 2 | $1.037 9 \times 10^{-5}$ | $1.499 4 \times 10^{-6}$ | $2.933 3 \times 10^{-10}$ | |

最后,为了更清晰地反映 WIGA 算法的稳定性,图 6 分别给出了 SGA、IGA 和 WIGA 算法模糊指数熵函数最大值 100 次计算结果的曲线。显然,WIGA

算法的波动最小;IGA 算法次之,曲线有 4 处起伏较大;而 SGA 算法的波动最大,存在 12 个深陷的波谷,表明其用于分割算法的优化时最不稳定。

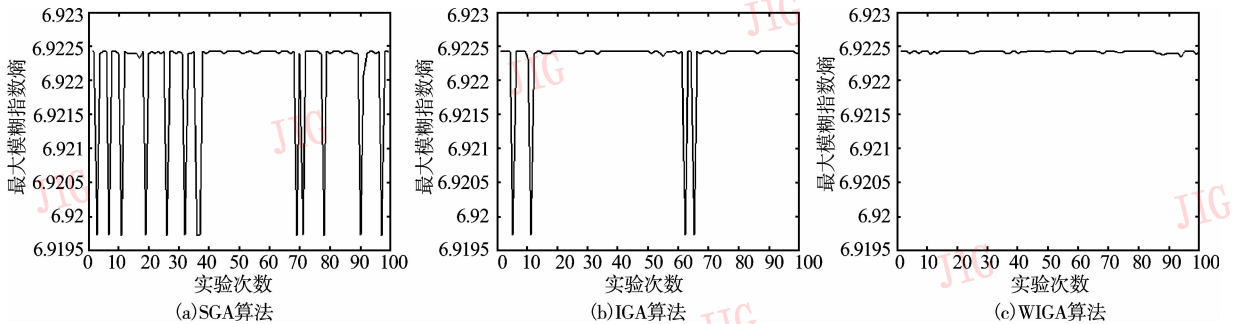


图 6 SGA、IGA 和 WIGA 算法所得模糊指数熵函数最大值 100 次计算结果曲线

Fig. 6 Curves of 100 results about maximum value of the fuzzy exponential entropy by SGA, IGA and WIGA

6 结 论

(1) 本文的改进模糊指数熵双阈值分割算法对真实人体数据——胸部 CT 图像的组织分割效果,与采用传统熵函数阈值法、采用四参数 S 型模糊隶属度函数的模糊熵阈值法以及采用文献[6]的模糊隶属度函数的模糊熵阈值法相比较优,尤其是对于骨骼组织的分割,更加清晰、明显。

(2) 利用提出的加权免疫遗传算法对模糊指数熵分割算法进行优化,能够快速搜索到分割阈值,并且具有较好的精确性和稳定性,可靠性高。

(3) 尝试用本文算法分割带有均值为 0, 方差为 0.01 的高斯白噪声的 3 维人体图像时,所得分割阈值偏大,分割结果不佳,有待进一步研究新方法以去除噪声影响。

参考文献 (References)

- Pun T. A new method for gray-level picture thresholding using the entropy of the histogram [J]. Signal Processing, 1980, 2(2): 233 ~ 237.
- Pun T. Entropic thresholding: A new approach [J]. Computer Vision, Graphics and Image Processing, 1981, 16(2): 210 ~ 239.
- Kapur J N, Sahoo P K, Wong A K C. A new method of gray-level picture thresholding using the entropy of the histogram [J]. Computer

- Vision, Graphics, and Image Processing, 1985, **29**(3): 273 ~ 285.
- 4 Pal S K, King R A, Hashim A A. Automatic grey level thresholding through index of fuzziness and entropy [J]. Pattern Recognition Letter, 1983, **1**(3): 141 ~ 146.
 - 5 Lakare S A. Ray Based Exploration of Volumetric Data [D]. Stony Brook: State University of New York, 2004.
 - 6 Xue Jing-hao, Zhang Yu-jin, Lin Xing-gang. New thresholding algorithm based on fuzzy divergence for image segmentation [J]. Journal of Tsinghua University (Sci & Tech), 1999, **39**(1): 47 ~ 50. [薛景浩, 章毓晋, 林行刚. 一种新的图像模糊散度阈值化分割算法 [J]. 清华大学学报(自然科学版), 1999, **39**(1): 47 ~ 50.]
 - 7 Chen Tao, Si Xi-cai. Image segmentation by histogram using fuzzy maximum exponential entropy [J]. Journal of Harbin Engineering University, 2004, **25**(4): 521 ~ 524. [陈涛, 司锡才. 基于直方图的模糊最大指数熵图像分割方法 [J]. 哈尔滨工程大学学报, 2004, **25**(4): 521 ~ 524.]
 - 8 Tao Wen-bing, Tian Jin-wen, Liu Jian, *et al.* Segmentation of FLIR images by genetic algorithm and fuzzy entropy [J]. Journal of Infrared Millimeter Waves, 2003, **22**(6): 465 ~ 468. [陶文兵, 田金文, 柳健等. 基于遗传算法和模糊熵的前视红外图像分割 [J]. 红外与毫米波学报, 2003, **22**(6): 465 ~ 468.]
 - 9 Wu Wei. Multilevel thresholding algorithm for image segmentation based on maximum fuzzy entropy [J]. Systems Engineering and Electronics, 2005, **27**(2): 357 ~ 360. [吴薇. 基于最大模糊熵原理的多阈值图像分割新算法 [J]. 系统工程与电子技术, 2005, **27**(2): 357 ~ 360.]
 - 10 Chen Wen-kai, Sun Yun-yan, Zhao Guo-xin, *et al.* The image segmentation method based on immune-genetic algorithms [J]. Journal of Beijing University of Technology, 2006, **32**(6): 510 ~ 513. [陈文楷, 孙云燕, 赵国鑫等. 免疫遗传算法在图像分割中的应用 [J]. 北京工业大学学报, 2006, **32**(6): 510 ~ 513.]
 - 11 Luo W J, Cao X B, Wang X F. An immune genetic algorithm based on immune regulation [A]. In: Proceedings of the 2002 Congress on Evolutionary Computation (CEC 2002) [C], Honolulu, USA, 2002: 801 ~ 806.