

基于遗传算法的原位根系 CT 图像的模糊阈值分割

周学成^{1),(2),(3)}

罗锡文¹⁾

严小龙²⁾

周荷琴³⁾

¹⁾ (华南农业大学南方农业机械装备关键技术省部共建教育部重点实验室, 广州 510642)

²⁾ (华南农业大学根系生物学研究中心, 广州 510642) ³⁾ (中国科技大学自动化系, 合肥 230027)

摘要 原位根系 CT 图像的精确分割是实现植物根系 3 维重建和定量分析的重要基础。为了对原位根系 CT 序列图像进行准确、有效的分割, 针对原位根系 CT 序列图像固有的模糊性特征, 设计了一种基于遗传算法的模糊多阈值图像分割方法。该方法首先通过直方图分析确定了原位根系 3 维分割的初始阈值范围; 然后通过设计一种模糊隶属度函数, 将图像模糊划分为若干个不同的区域; 最后采用最大模糊熵准则, 并借助遗传算法寻找确定了一组序列图像的最佳分割阈值。编程实验结果证实, 该算法不仅能更加准确、有效地对植物根系原位 CT 序列图像进行分割, 并可提高图像阈值分割的精度和效率。

关键词 遗传算法 模糊分割 CT 图像 原位根系

中图法分类号: TP391.41 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(2009)04-0681-07

A Fuzzy Thresholding Segmentation for Plant Root CT Images Based on Genetic Algorithm

ZHOU Xue-cheng^{1),(2),(3)}, LUO Xi-wen¹⁾, YAN Xiao-long²⁾, ZHOU He-qin³⁾

¹⁾ (Key Laboratory of Key Technology on Agricultural Machine and Equipment (South China Agricultural University), Ministry of Education, Guangzhou 510642)

²⁾ (Root Biology Research Center, South China Agricultural University, Guangzhou 510642)

³⁾ (Department of Automation, University of Science and Technology of China, Hefei 230027)

Abstract The CT images segmentation is one of key technologies for the 3D reconstruction and quantitative analysis of plant root system in situ. In order to improve the precision and efficiency of images segmentation, in accordance with the inherent indistinction of CT images, a fuzzy thresholding algorithm was implemented with the criterion of maximum fuzzy entropy and genetic algorithm. The initial thresholds were obtained with histogram analysis. The CT images were divided into several different regions fuzzily through designing a simple fuzzy neighborhood function. And according to the criterion of maximum fuzzy entropy, a genetic algorithm was used to find out the best thresholds of CT images segmentation. The result of programming test shows that the algorithm is effective to improve the precision and efficiency of root CT images segmentation.

Keywords genetic algorithm, fuzzy segmentation, CT images, root in situ

基金项目: 国家自然科学基金项目(60375005, 30230220); 国家高技术研究发展计划“863”专题课题(2008AA10Z221)

收稿日期: 2007-03-03; 改回日期: 2007-09-30

第一作者简介: 周学成(1968 ~), 男, 副教授。2008 年于华南农业大学获博士学位, 2006 ~ 2007 年为中国科学技术大学访问学者。研究方向为机器视觉与图像分析。E-mail: zxcem@scau.edu.cn

通讯作者: 罗锡文, E-mail: xwluo@scau.edu.cn

1 引言

根系是植物从土壤等介质环境中获取养分和水分的重要器官,其特殊的生长环境与复杂的形态结构,使得对它的研究远远难于对植物体地上部分的研究^[1-3]。实际上,缺乏快速、准确的根系原位观测方法已经构成了对植物根系进行深入研究的技术瓶颈^[4]。为了解决这一难题,本文尝试采用 X 射线计算机层析成像(XCT)技术首先获取植物根系的原位断层图像,然后利用计算机图像图形处理技术实现对植物根系的原位观测和定量研究^[5]。在这一过程中,根系断层 CT 序列图像的精确分割是进行 3 维重建和定量分析的基础。也是影响根系原位观测和定量分析精度的关键环节。

阈值分割是一种最常用的并行区域技术,阈值是用于区分不同目标的灰度值。由于阈值分割计算简单、运算效率较高、速度快,因此是一种广泛应用的图像分割方法。但由于阈值分割结果依赖于阈值的选取,因此如何获得最佳阈值是进行图像分割的关键。长期以来,人们提出了多种选取阈值的方法,如直方图阈值法、最大类间方差法、最大熵阈值法和模糊阈值法等^[6]。近年来,基于信息论中熵准则来确定图像的最佳分割阈值的研究引起了人们较多的关注^[7-8]。不过,这些研究多侧重于 2 维单阈值选取方法的探索,而对多维多阈值图像的分割研究则报道相对较少。本文在前期研究^[9]的基础上,首先通过构建一种线性模糊隶属度函数,并借助遗传优化算法在最大模糊熵准则下寻找序列图像的最佳阈值,用于植物根系原位 CT 序列图像的多维多阈值分割,不仅取得了良好的分割效果,而且提高了图像分割的精度和效率。

2 算法描述

2.1 基本思路

本文的分割对象是植物根系原位 CT 序列图像,这是一种多层螺旋 CT(MSCT)设备产生的空间序列图像。这种图像的阈值选取有其特殊性,因为其不仅要找出单幅图像中像素灰度值的分布规律,而且还要分析序列图像中所有像素灰度值的整体分布规律,以便协调整体与局部(单幅图像)的阈值选择和取得最佳的整体分割效果。同时,植物根系原

位 CT 序列断层图像又是一种高分辨率、低对比度的灰度图像,由于受局部效应、伪影和噪声等成像技术因素的影响,图像不可避免地具有边界模糊、不均匀性等问题,因此在分割算法设计时,必须设法利用适当的技术方法将其加以消除或削弱。

根据笔者前期对植物根系原位 CT 序列图像直方图数据的研究分析^[9],不仅找出了植物根系 CT 序列图像灰度分布的整体特征,同时也明确了其灰度分布存在 0~360、360~800、800~4 096 3 个明显不同的区域,并初步确定了根系所在图像区域的灰度分布范围在 800 以上。通过对典型断层根系图像、典型根系区域和根系本区的灰度直方图分析,明确了根系断层图像区域分割阈值的下限为 930、上限为 1 230。同时发现,根系区域本身的灰度分布与其周围介质的灰度分布之间并没有明显的分界线,而是存在着相互交叉、部分重叠的问题。

本文首先通过直方图分析,找出植物根系原位 CT 序列图像灰度分布的整体特征,以明确根系像素分布的阈值范围;然后针对根系像素所在区域(ROI)的灰度分布特征,通过引入模糊集理论来设计一种线性模糊隶属度函数;最后根据最大模糊熵准则,利用遗传算法找出更加精确的分割阈值,用来对根系图像进行更为精细的分割,以提高原位根系的分割精度。

2.2 模糊熵准则

2.2.1 图像的模糊划分

设一幅数字图像 $I(x, y)$ 的大小为 $M \times N$ 、灰度等级为 L 。令 $\mathbf{D} = \{(i, j) : i = 0, 1, \dots, M - 1; j = 0, 1, \dots, N - 1\}$, $\mathbf{G} = \{0, 1, \dots, L - 1\}$ 。则有

$$I(x, y) \in \mathbf{G}, \forall (x, y) \in \mathbf{D}$$

令 $\mathbf{D}_k = \{(x, y) : I(x, y) = k, (x, y) \in \mathbf{D}\}$, $h_k = n_k / (M \times N)$, $k = 0, 1, \dots, L - 1$; 其中, n_k 为 \mathbf{D}_k 中的元素个数,则有

$$\mathbf{D} = \bigcup_{k=0}^{L-1} \mathbf{D}_k, \text{ 且 } \mathbf{D}_j \cap \mathbf{D}_k = \emptyset (j \neq k), \emptyset \text{ 为空集;}$$

$$0 \leq h_k \leq 1, \text{ 且 } \sum h_k = 1, k = 0, 1, \dots, L - 1;$$

而 $\mathbf{H} = \{h_0, h_1, \dots, h_{L-1}\}$ 就是图像的像素灰度直方图,其概率分布为

$$p_k = P(\mathbf{D}_k) = h_k \quad k = 0, 1, \dots, L - 1$$

依照模糊集合理论,在一幅图像的像素空间 \mathbf{D} 中,模糊集 \mathbf{R} 可以由隶属度函数 $\mu_{\mathbf{R}}(k)$ 来表征。 $\mu_{\mathbf{R}}(k)$ ($\mu_{\mathbf{R}}(k) \in [0, 1]$) 的取值大小反映了元素 k 隶属于 \mathbf{R} 的程度。这里像素空间 \mathbf{D} 定义为图像的

ROI 局部灰度值为 k ($k \in [L_{\min}, L_{\max}]$) 的像素点集合,其中, L_{\min} 为图像局部像素灰度的最小值, L_{\max} 为图像局部像素灰度的最大值;本文中, $L_{\min} = 800$ 、 $L_{\max} = 4\ 096$ 。根据前期研究,本文对 CT 序列图像中根系的 ROI 采用双阈值分割方法进行分割,取两个分割阈值分别为 T_1 和 T_2 ,则这两个阈值将原始图像域 D 中的 ROI 区域划分为 R_1 、 R_2 、 R_3 3 个部分。即 $\{R_1, R_2, R_3\}$ 是对 ROI 的一种模糊概率划分。三者的隶属度函数分别表示为 $\mu_1(k)$ 、 $\mu_2(k)$ 、 $\mu_3(k)$,且有 $\mu_1(k) + \mu_2(k) + \mu_3(k) = 1$ 。三者的概率分布为

$$\mu_2(k) = \begin{cases} 0 & k < a \\ \frac{k-a}{b-a} \cdot \frac{n_b}{n_k} & a \leq k \leq b \\ 1 & b < k < c \\ 1 - \frac{k-c}{d-c} \cdot \frac{n_d}{n_k} & c \leq k \leq d \\ 0 & k > d \end{cases}$$

$$\mu_3(k) = \begin{cases} 0 & k < c \\ \frac{k-c}{d-c} \cdot \frac{n_d}{n_k} & c \leq k \leq d \\ 1 & k > d \end{cases}$$

$$p_1 = P(R_1)、p_2 = P(R_2)、p_3 = P(R_3)$$

$$D_{k_1} = \{(x, y) : L_{\min} \leq I(x, y) \leq T_1, (x, y) \in D\}$$

$$D_{k_2} = \{(x, y) : T_1 < I(x, y) \leq T_2, (x, y) \in D\}$$

$$D_{k_3} = \{(x, y) : T_2 < I(x, y) \leq L_{\max}, (x, y) \in D\}$$

则

$$p_{k_1} = P(D_{k_1}) = p_k \cdot p_{11k}$$

$$p_{k_2} = P(D_{k_2}) = p_k \cdot p_{21k}$$

$$p_{k_3} = P(D_{k_3}) = p_k \cdot p_{31k}$$

式中, p_{11k} 、 p_{21k} 、 p_{31k} 分别为灰度级为 k 的像素属于 R_1 、 R_2 、 R_3 的条件概率。于是有

$$p_1 = P(R_1) = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} P(D_{k_1}) = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot p_{11k}$$

$$p_2 = P(R_2) = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} P(D_{k_2}) = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot p_{21k}$$

$$p_3 = P(R_3) = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} P(D_{k_3}) = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot p_{31k}$$

根据模糊集合理论,若用隶属度函数表示条件概率,即 $p_{ik} = \mu_i(k)$, $i = 1, 2, 3$ 。则有

$$p_1 = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot p_{11k} = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot \mu_1(k)$$

$$p_2 = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot p_{21k} = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot \mu_2(k)$$

$$p_3 = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot p_{31k} = \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} p_k \cdot \mu_3(k)$$

基于概率划分,可从边界条件和对称条件两方面综合考虑^[10],本文采用以下 3 个简单的隶属度函数来刻画 3 个模糊子集:

$$\mu_1(k) = \begin{cases} 1 & k < a \\ 1 - \frac{k-a}{b-a} \cdot \frac{n_b}{n_k} & a \leq k \leq b \\ 0 & k > b \end{cases}$$

式中, n_b 、 n_d 、 n_k 分别为直方图中灰度为 b 、 d 、 k 处的像素个数,且有 $L_{\min} < a < b < c < d < L_{\max}$ 。

2.2.2 最大模糊熵准则

确定了模糊划分以后,就可以用模糊度量来衡量图像的分割效果。信息论中熵的概念用于表征观察空间的平均信息量,而模糊熵则可用于度量模糊集合的信息量。一般而言,在不同的模糊划分下,图像具有的信息量存在差异。最大模糊熵准则,就是在灰度空间上搜索一组参数,使得图像在此参数确定的模糊划分下保留原图像的信息量最大。对图像的像素空间 D 上的模糊集 R_1 、 R_2 、 R_3 ,其模糊熵定义如下:

$$H_1 = - \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} \frac{p_k \cdot \mu_1(k)}{p_1} \cdot \lg \left(\frac{p_k \cdot \mu_1(k)}{p_1} \right)$$

$$H_2 = - \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} \frac{p_k \cdot \mu_2(k)}{p_2} \cdot \lg \left(\frac{p_k \cdot \mu_2(k)}{p_2} \right)$$

$$H_3 = - \sum_{k=L_{\min}}^{L_{\max}} \frac{p_k \cdot \mu_3(k)}{p_3} \cdot \lg \left(\frac{p_k \cdot \mu_3(k)}{p_3} \right)$$

则图像的总模糊熵为

$$H(a, b, c, d) = H_1 + H_2 + H_3$$

显然,图像总模糊熵 H 的大小是由 a 、 b 、 c 、 d 4 个参数确定的,根据最大模糊熵准则就可以找出使 H 最大的 a 、 b 、 c 、 d 4 个参数的最佳组合,由此便可确定图像的最佳分割阈值 T_1 和 T_2 。最佳分割阈值应满足如下条件:

$$\mu_1(T_1) = \mu_2(T_1) = 0.5, \quad \mu_2(T_2) = \mu_3(T_2) = 0.5$$

即 T_1 为隶属度曲线 $\mu_1(k)$ 与 $\mu_2(k)$ 交点处的灰度值, T_2 为隶属度曲线 $\mu_2(k)$ 与 $\mu_3(k)$ 交点处的灰度值。结合图像直方图分析即可以求得

$$T_1 = \frac{a \cdot n_b + b \cdot n_a}{n_a + n_b}, \quad T_2 = \frac{c \cdot n_d + d \cdot n_c}{n_c + n_d}$$

2.3 遗传算法

通过上述分析可见,如果找到使图像的总模糊熵 $H(a,b,c,d)$ 达到最大值的 a,b,c,d 等4个参数的最佳组合,便可求得图像的最佳分割阈值 T_1 和 T_2 。这实际上是在图像灰度空间上搜索一组参数 (a,b,c,d) ,使总模糊熵 H 达到最大值的一个优化问题。由于采用穷举法搜索显然存在计算量、耗时多等问题,为此,本文将具有高效并行全局搜索能力的遗传算法用于该优化问题的求解,以缩短寻优时间和提高运算速度。

遗传算法是一种基于生物自然选择和遗传机理的随机搜索算法^[11],其主要特点是具有强大的全局最优解搜索能力和信息处理的隐并行性以及应用的鲁棒性,而且只需要检测少量结构就能反映搜索空间较大的区域,并可获得稳定的最优解。其计算过程是将实际的优化问题编码成字符串,也称染色体,而实际问题的目标函数则用染色体的适应度函数表示。与传统搜索算法不同,遗传算法是先从一组随机产生的初始种群开始搜索过程,然后根据各染色体的适应度函数进行复制、交叉、变异等遗传操作。适应度的大小决定了该染色体被繁殖的机率,其反映了适者生存的原理。交叉和变异操作是通过随机地和结构化地交换各染色体之间的信息来产生更加优秀的染色体。随着遗传代数的增加,就会产生出一批适应度很高的染色体,再将这些染色体解码还原就可以得到原问题的解。应用遗传算法,需要处理的主要问题包括染色体表示(即问题编码)、初始种群选择、适应度函数定义、遗传算子设计以及终止条件确定等5个方面。

(1)染色体编码:需要参与编码的基因就是 a,b,c,d 4个参数,其取值范围为 $800 \sim 4\,096$ 。若对每个参数采用12bits二进制编码,则每个个体的联合编码就是一个48bits的二进制字符串。

(2)种群初始化:如果允许每个参数组合中的4个变量在其取值范围内随机取值,则显然难以保证模糊划分中隶属度函数所要求的参数间的相互关系条件,即 $L_{\min} < a < b < c < d < L_{\max}$ 。为了避免随机编码方案可能产生的大量无效染色体,需要对染色体的生成过程进行适当的数学处理,以确保遗传繁殖过程中产生的染色体均是符合上述约束条件的有效染色体。为此,设 a_0, b_0, c_0, d_0 为计算机随机产生的表现值在 $[800, 4\,096]$ 范围内的原始染色体,与之对应的符合约束条件的染色体则可采用如下规则产生:

$$a = a_0, b = a + (4\,096 - a) \times (b_0 \div 4\,096)$$

$$c = b + (4\,096 - b) \times (c_0 \div 4\,096)$$

$$d = c + (4\,096 - c) \times (d_0 \div 4\,096)$$

(3)适应度函数:本文直接选择总模糊熵函数 $H(a,b,c,d)$ 作为遗传算法的适应度函数。

(4)遗传算子设计:遗传操作是模拟生物基因遗传的操作,包括选择、交叉和变异3个基本遗传算子。遗传算法使用选择运算来实现对群体中的个体进行优胜劣汰操作,即适应度高的个体被遗传到下一代群体中的概率大;适应度低的个体,被遗传到下一代群体中的概率小。选择算子的任务就是采用一定规则从父代群体中选取一些优良个体来遗传到下一代群体。常用的选择算子包括比例选择算子、最优保留策略、期望值模型、排序选择和排挤选择等。本文采用排序选择算子,其具体步骤为,首先对群体中的所有个体按其适应度大小进行降序排序;然后设计一个概率分配表,将各个概率值按上述排列次序分配给各个个体;最后以各个个体所分配到的概率值作为其遗传到下一代的概率,并基于这些概率,用赌盘选择法来产生下一代群体。

交叉运算是指对两个相互配对的染色体依据交叉概率 P_c 按某种方式相互交换其部分基因,以形成两个新的个体。交叉运算是遗传算法区别于其他优化搜索算法的重要特征,它在遗传算法中起关键作用,是产生新个体的主要方法。常用的交叉算子有单点交叉、双点交叉、多点交叉、均匀交叉和算术交叉等,本文采用双点交叉算子进行交叉运算。具体操作是,首先从父代中依据交叉概率选择两个不同的个体,并在其染色体中分别随机设定两个交叉点;然后通过互换两个交叉点间的基因来产生两个新的个体。

变异运算是指依据变异概率 P_m 将个体编码串中的某些基因值用其他基因值来替换,从而形成一个新的个体。遗传算法中的变异运算是产生新个体的辅助方法,它决定了遗传算法的局部搜索能力,同时保持了种群的多样性。常见的变异算子有基本位变异算子、均匀变异算子、边界变异算子以及自适应变异算子等。可用交叉运算和变异运算的相互配合来共同完成对搜索空间的全局搜索和局部搜索。本文采用基本位变异算子进行变异操作,即对二进制编码表示的个体,以变异概率 P_m 随机对某一位基因取反。

(5)终止条件确定:当算法执行到最大代数或群体中的最高适应度值稳定时,则算法停止运行。

其中具有最高适应度值的个体即为所求的解。

3 算法流程与程序实现

本文算法的总体流程如图 1 所示。经过试验分析,遗传算法采用如下参数:种群规模 $M = 100$,最大繁衍代数 $N_{\max} = 200$,交叉概率 $P_c = 0.8$,变异概率

$P_m = 0.01$ 。程序实现采用 VC++ 6.0 环境下的 C++ 语言编程,并借助了 MATLAB 遗传算法工具箱。这里图像预处理主要是指基于直方图分析的预分割。设原始图像为 $I(x, y)$,预分割后的图像为 $G(x, y)$,则

$$G(x, y) = \begin{cases} 0 & I(x, y) < 800 \\ I(x, y) & I(x, y) \geq 800 \end{cases}$$

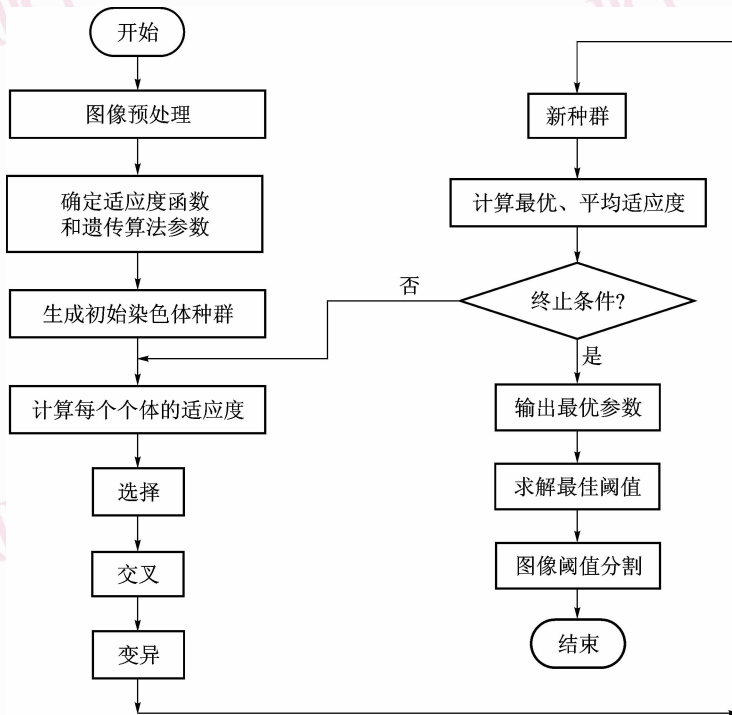


图 1 本文算法流程框图

Fig. 1 The flow chart of algorithm

4 实验结果与分析

采用本文算法对文献[9]所用的原位根系 CT 序列图像进行了图像分割实验。结果显示,当遗传到第 128 代时,种群的适应度趋于稳定;此时最优参数组合为 $[812, 863, 1\ 326, 1\ 375]$,最佳阈值 $T_1 = 846$, $T_2 = 1\ 354$ 。图 2(a)、图 2(b)分别是第 160 层 CT 图像采用本文算法的分割结果和文献[9]算法的分割结果。图 3(a)、图 3(b)分别是本文算法分割结果和文献[9]算法分割结果的 3 维表面重建图像。

从分割后的断层图像上可以看出,图 2(a)中的 3 个分割区域均比图 2(b)中的相应区域有所增大,尤以 2 号区域的变化最为明显。从表 1 中可以发现,第 160 层分割后所得 3 个区域的变化情况是:采用本文算法的分割区域比文献[9]算法分割的区域

像素数增加了 10.78%,面积增加了 9.60%。

为了更直观地考察本文算法的分割效果,利用基于分割的 MC 3 维重建方法^[12],对用两种算法分割后的序列图像进行了 3 维重建,重建图像如图 3 所示。从 3 维重建图像的对比中不难发现,图 3(a)比图 3(b)有更丰富的细节,出现了更多的细小根系(图中的①、②处);另外,相同位置的根系直径也有明显的增加。这些变化还可以从表 1 中定量地反映出来,相对于以前的分割结果图像,本文算法分割后重建的 3 维图像上的原位根系在体积上增加了 13.29%,表面积增加了 10.14%。

从上述对分割后的断层图像及其 3 维重建影像进行的直观和定量分析中可以看出,本文采取的基于遗传算法的模糊多阈值分割算法,能够有效地提高原位根系 CT 序列图像的分割精度。

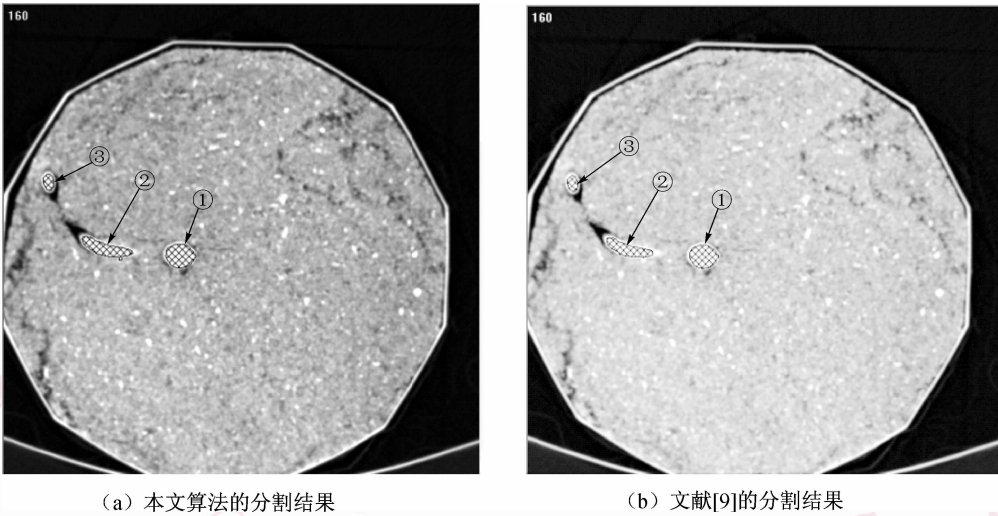


图 2 原位根系第 160 层 CT 图像的分割结果对比(图中的网状阴影部分为分割区域)

Fig. 2 The comparison of segmentation with the algorithm described in the paper and reference[9] for the slice 160 of root CT images (the segmented regions labeled by reticulate hatching)

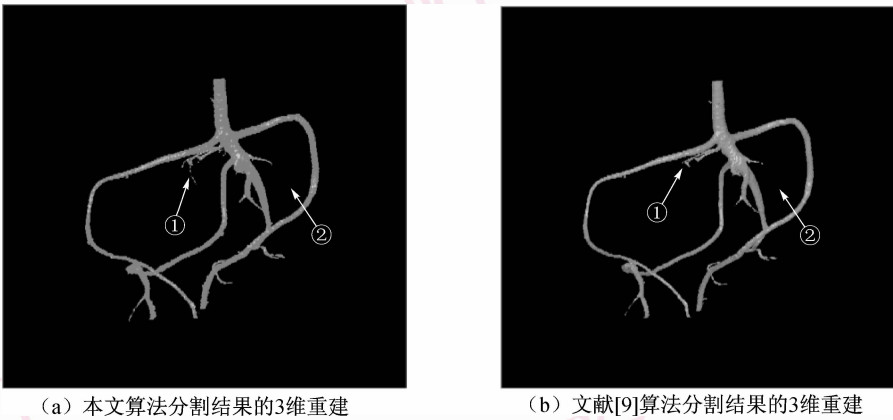


图 3 本文算法分割结果和文献[9]算法分割结果的 3 维表面重建图像的效果对比(同一视角)

Fig. 3 The comparison with 3D reconstruction effect between the algorithm described in the paper and the one used in reference[9] (from the same viewpoint)

表 1 两种算法分割结果的定量对比

Tab. 1 Quantitative comparison with segmenting effect of the two algorithms

算法	CT160 分割区域			3 维重建根系	
	区号	面积 (mm^2)	像素 (个)	体积 (mm^3)	表面积 (mm^2)
本文分 割算法	1	128.24	673	33 449.41	26 179.83
	2	117.55	610		
	3	32.89	187		
	小计	278.68	1 470		
文献[9] 分割算法	1	121.58	631	29 526.03	23 769.31
	2	102.21	522		
	3	30.47	174		
	小计	254.26	1 327		
变化(%)	*	9.60	10.78	13.29	10.14

5 结 论

本文针对原位根系CT序列图像固有的模糊性特征和直方图分布特性,根据模糊集理论,首先设计了一种简单的用于图像区域模糊划分的隶属度函数,然后采用最大模糊熵准则,利用遗传算法优化确定了适用于原位根系特定区域分割的最佳分割阈值,并实现了基于遗传算法的原位根系CT序列图像的模糊多阈值分割。

通过对分割后的断层图像及其3维重建影像的直观和定量分析,证实了基于遗传算法的模糊多阈值分割算法能够更加准确、有效地提高原位根系CT序列图像的分割精度。

参考文献 (References)

- 1 Yan Xiao-long, Liao Hong, Ge Zhen-yang, *et al.* Root architectural characteristics and phosphorus acquisition efficiency in plants [J]. Chinese Bulletin of Botany, 2000, **17**(6): 511-519. [严小龙, 廖红, 戈振扬等. 植物根构型特性与磷吸收效率[J]. 植物学通报, 2000, **17**(6): 511-519.]
- 2 Hu Bao-gang, Zhao Xing, Yan Hong-ping, *et al.* Plant growth modeling and visualization—review and perspective [J]. Acta Automatica Sinica, 2001, **27**(6): 816-835. [胡包钢, 赵星, 严红平等. 植物生长建模与可视化—回顾与展望[J]. 自动化学报, 2001, **27**(6): 816-835.]
- 3 Guo Yan, Li Bao-guo. New advances in virtual plant research [J]. Chinese Science Bulletin, 2001, **46**(4): 273-280. [郭彦, 李保国. 虚拟植物的研究进展[J]. 科学通报, 2001, **46**(4): 273-280.]
- 4 Luo Xi-wen, Zhou Xue-cheng, Yan Xiao-long. Advances in research on observation and measurement methods for plant root 3D architecture [A]. In: Proceedings of CSAE Annual Meeting [C], Guangzhou, China, 2005: 421-425. [罗锡文, 周学成, 严小龙. 植物根系三维构型原位观测技术的研究进展 [A]. 见: 农业工程科技
- 5 Luo Xi-wen, Zhou Xue-cheng, Yan Xiao-long, *et al.* Visualization of plant root morphology in situ based on X-ray CT imaging technology [J]. Transactions of the Chinese Society of Agricultural Machinery, 2004, **35**(2): 104-106. [罗锡文, 周学成, 严小龙等. 基于XCT技术的植物根系原位形态的可视化研究 [J]. 农业机械学报, 2004, **35**(2): 104-106.]
- 6 Zhang Min-jin. Image Segmentation [M]. Beijing: Science Press, 2001. [章敏晋. 图像分割 [M]. 北京: 北京科学出版社, 2001.]
- 7 Cheng H D, Chen Y H, Sun Y. A novel fuzzy entropy approach to image enhancement and thresholding [J]. Signal Processing, 1999, **75**(3): 277-301.
- 8 Zhao Man-suo, Alan M N Fu, Yan Hong. A technique of three-level thresholding based on probability partition and fuzzy 3-partition [J]. IEEE Transactions on Fuzzy Systems, 2001, **9**(3): 469-479.
- 9 Zhou Xue-cheng, Luo Xi-wen, Yan Xiao-long. Research on segmenting algorithm for MSCT images of plant root system based on its morphological feature [A]. In: Proceedings of ASAE (American Society of Agricultural Engineers)/CSAE (Canadian Society of Agricultural Engineers) Annual International Meeting [C], Ottawa, Canada, 2004: 4141-4148.
- 10 Murphy C A, Pal S K. Fuzzy thresholding: mathematical framework, bound functions and weighted moving average technique [J]. Pattern Recognition Letter, 1990, **11**(2): 197-206.
- 11 Zhou Ming, Sun Shu-dong. Genetic Algorithms Theory and Applications [M]. Beijing: National Defense Industry Press, 1999. [周明, 孙树栋. 遗传算法原理及应用 [M]. 北京: 国防工业出版社, 1999.]
- 12 Tian Jie, Bao Shang-lian, Zhou Ming-quan. Medical Image Process and Analysis [M]. Beijing: Publishing House of Electronics Industry, 2003. [田捷, 包尚联, 周明全 编著. 医学影像处理与分析 [M]. 北京: 电子工业出版社, 2003.]