

一种基于遗传算法的脑 MR 图像去偏移场模型

王利¹⁾ 陈允杰¹⁾ 汤杨¹⁾ 韦志辉¹⁾ 王平安²⁾ 夏德深¹⁾

¹⁾ (南京理工大学计算机科学与技术学院, 南京 210094)

²⁾ (香港中文大学计算机科学与工程学系, 香港)

摘要 由于磁共振图像(magnetic resonance images, MRI)常含有偏移场而影响后继图像分割,针对这种图像的分割,采用 Legendre 多项式基函数来拟合偏移场,可以去除偏移场对图像分割的影响。当使得恢复图像的信息熵达到最小时,则求得的偏移场最优。在求偏移场的过程中,需要求解基函数的参数,由于传统的梯度下降法易陷入局部最优,为解决此问题,提出将遗传算法引入到参数求解过程中,然而传统的遗传算法不仅时间复杂度高,且易陷入局部最优,为此需对遗传算法进行改进,使得不仅更容易得到全局最优解,且时间复杂度较低。实验证明,该改进算法可以得到精确的偏移场,并可得到准确的分割结果。

关键词 磁共振图像 偏移场 信息熵 梯度下降法 遗传算法 局部最优 全局最优

中图法分类号:TP391.41 文献标识码:A 文章编号:1006-8961(2008)07-1281-06

A Brain MR Images De-bias Model Based on Genetics Algorithm

WANG Li¹⁾, CHEN Yun-jie¹⁾, TANG Yang¹⁾, WEI Zhi-hui¹⁾, HENG Pheng-ann²⁾, XIA De-shen¹⁾

¹⁾ (School of Computer Science & Technology, Nanjing University of Science and Technology, Nanjing 210094)

²⁾ (Department of Computer Science & Engineering, Chinese University of Hong Kong)

Abstract Intrascan intensity inhomogeneities are a common source of difficulty for MRI segmentation. We estimate the bias field by Legendre polynomials. The bias field could be the best when we get minimum entropy. It needs to work out parameters of the base function in the process of finding bias field, but conventional methods such as gradient-descent method often find local best. To find global best, we present genetics algorithm to find best parameters to estimate the bias field, however the result was not satisfying. Then we make some modification of genetics algorithm to make it easier to find global best. Experiments on the segmentation of brain magnetic resonance images show our modification can achieve optimal bias field and accurate segmentation results.

Keywords magnetic resonance image (MRI), bias field, entropy, gradient-descent, genetics algorithm, local best, global best

1 引言

近年来,磁共振成像由于其具有非介入性、非损伤性、对软组织高分辨率性、很少受目标物体运动的影响等优点,因而在医学临床上的应用越来越广泛和深入,它已经成为人们进行脑功能、病理和解剖研

究的主要手段。同时,人们对 MR 图像进行定量分析的要求也越来越高,例如在对诸如早老性痴呆症、多发性硬化症以及精神分裂症等退化脑疾病的研究中,除了研究灰质、白质、白质损伤和脑脊液的空间分布及临时改变以外,对这些组织容量的精确测量也是必不可少的,因为这些神经疾病改变了人脑软组织(灰质、白质)和脑脊液的正常体积及其区域分

基金项目:香港特区政府研究资助局研究项目(CUHK/4185/00E);香港中文大学研究基金项目(2050345)

收稿日期:2006-11-20;改回日期:2007-01-16

第一作者简介:王利(1984~),男,现为南京理工大学计算机科学与技术学院博士研究生。主要研究方向为图像处理、模式识别、数值分析与算法。E-mail:wangli_china@yahoo.com.cn

布,而所有这些应用的一个前提就是要对磁共振图像进行精确地分割,即要根据灰度把图像分割成代表不同生理组织的类。

然而,在实际应用中,由于受 RF 线圈、MR 设备,脑不同组织之间的差异性和脑组织的容积效应等影响,使得图像的灰度均匀性变差,这个附加的偏移场(bias field),使信号发生了混淆,其表现为图像上同一组织的像素灰度沿空间呈缓慢平滑的变化,若只依靠传统的基于灰度值的分割方法来分割图像是不可能的;其次,在脑 MR 图像成像过程中,由于受仪器设备等物理原因影响,使得图像中经常含有噪声,这也影响分割精度,但 Jungke 等人明确地阐述了影响图像分割质量的主要因素来自偏移场,而不是噪声^[1]。

设观察得到的图像为 I , 真实图像为 I_0 , 偏移场为 B , 噪声为 N , 则

$$I = I_0 \times B + N \quad (1)$$

为了克服核磁共振图像偏移场的影响,许多学者对其展开了大量研究。Lufkin 等人提出的方法^[2-7]虽然可以校正偏移场,但需要人工干预控制;Wells 等人提出了基于 EM (expectation-maximization) 算法的偏移场自适应校正方法^[8],其虽可以自动地分割各个组织,然而该方法需要准确地知道每个组织的具体信息,而且计算复杂度较高,Guillemaud 等人对 Wells 等人提出的模型进行了改进^[9];Pham 等人采用 FCM (fuzzy c-means) 模型来计算偏移场^[10,11]。但这些基于聚类的方法往往需要对初始值进行合理有效的估计,否则很难获得较精确的分割结果。由于偏移场都比较光滑,许多学者据此提出如下一些模型:如利用多项式基函数来模拟偏移场的模型^[12,13];John Ashburner 等人提出的基于离散正交变换的模型^[14];Salvado 等人提出的基于薄板样条的模型^[15],这些模型的精度取决于自由度,然而,自由度的增加将导致计算复杂度的增加。Decarli 等人介绍了一种统计方法^[16],他认为局部区域的中值应该等于这一类型组织的中值,而非均匀则使之偏离全局中值,因此,可用局部图像的中值与某一类型组织的中值的差来校正图像。它的局限性是有可能收敛到局部最小点,而且会除去图像中光滑、缓慢变化的细微结构的信息。

本文首先将脑组织部分从脑 MR 图像中提取出来,以降低其他非脑组织对后继图像分析的影响;然后阐述偏移场与信息熵之间的关系,并采用

Legendre 多项式基函数来拟合偏移场,使得信息熵达到最优。由于每个基函数具有各自的参数,不同的参数将得到不同的偏移场,而不同的偏移场则将得到不同的恢复图像,因此需要寻找到使得图像信息熵最小的偏移场。传统的梯度下降法易陷入局部最优,为了得到全局最优解,本文引入遗传算法求解基函数的参数,但是,和传统的方法一样,其也受全局最优点的影响较大,为此本文对遗传算法进行了改进,使其更易找到全局最优解,以便得到精确的偏移场。

2 偏移场模型

2.1 预处理——去壳 (Skull-Stripping)

在脑图像中,由于非脑组织、背景部分占据图像的较大部分,而且背景部分没有偏移场,因而对偏移场分析影响较大。目前已有许多模型^[17-19]可以较好地将脑组织提取出来,本文采用其中较为典型的 BSE (brain surface extractor) 算法来去掉非脑组织和背景部分。该方法先使用 Marr-Hildreth 边缘检测算法判断每个解剖组织的边界,然后利用得到的序列图像信息以及形态学知识得到分割结果。虽然 BSE 算法在处理有偏移场的 MR 图像时,会出现较大的误差,但并不影响后面对偏移场的分析。

2.2 偏移场与信息熵

由于偏移场比较光滑,因此可以用一组正交且光滑的基函数来拟合偏移场,本文是采用满足此条件的 Legendre 多项式基函数来拟合以下偏移场:

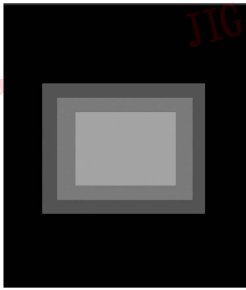
$$B = \sum_{i=0}^k \sum_{j=0}^{k-i} c_{i,j} L_i(x) L_j(y) \quad (2)$$

其中, $L_i(x)$, $L_j(y)$ 是 Legendre 多项式基函数, $c_{i,j}$ 就是所要求的多项式基函数的参数, k 为多项式的次数,图像的坐标值定义在 $[-1, 1]$ 之间。当多项式的次数较小时,拟合的偏移场精确度较低,次数增大时,精确度虽较高,却带来计算复杂度的增加。一般取 $k = 4$, 此时需要的基函数参数的个数为 $(k + 1)(k + 2)/2 = 15$ 。Sled 等人在文献[20]中提出,当图像的信息熵最小时,其图像中的偏移场最弱。信息熵 H 可由图像的灰度分布信息求得,即

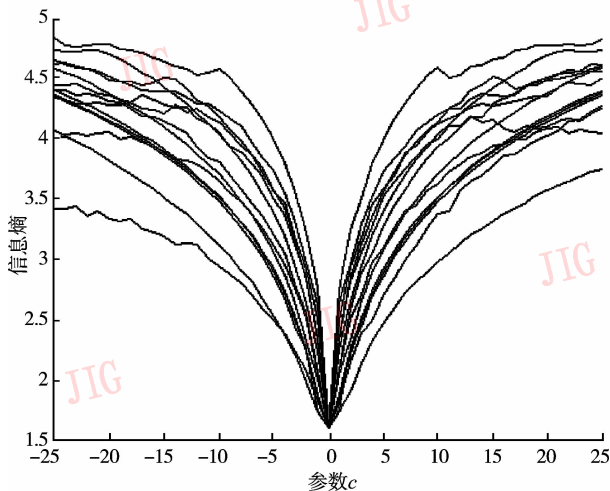
$$H = - \sum_{x=0}^{255} PDF(x) \text{lb}(PDF(x)) \quad (3)$$

其中, PDF 为概率密度函数。图 1(a) 是一幅不含偏移场的人工合成图,图 1(b) 是基函数为 4 次的 Legendre 多项式时的参数变化对应于图像信息熵

的变化曲线,由于图像不含偏移场,所以对于每一个基函数来说,当系数为零时,其所求得的信息熵最小,当系数增加或是减少时,信息熵增大。从图 1(b)可以看出,该曲线族大多非光滑,同时,要计算的基函数的参数多达 15 个,由于每个参数对偏移场的影响都较大,从而导致用传统梯度下降法求解的基函数的参数很容易陷入局部解。为了得到全局最优解,本文引入了遗传算法。



(a) 人工合成图



(b) 参数变化对应的熵变化曲线

图 1 熵函数变化曲线

Fig. 1 Transformation curves of entropy

2.3 遗传算法及其在去偏移场中应用

2.3.1 基于遗传算法的去偏移场模型

遗传算法 (genetic algorithm, GA)^[21] 是一种基于自然群体遗传演化机制的高效探索算法,它是美国学者 Holland 于 1975 年首先提出来的。它摒弃了传统的搜索方式来模拟自然界的生物进化过程,即采用人工进化的方式对目标空间进行随机化搜索。它将问题域中的可能解看作是群体的一个个体或染色体,并将每一个体编码成符号串形式,采用达尔文的遗传选择和自然淘汰的生物进化法则来对群体反复进行基于遗传学的操作(遗传,交叉和变异),并根据预定的目标适应度函数

对每个个体进行评价,由于遗传算法是依据适者生存,优胜劣汰的进化规则,不断得到更优的群体,同时用全局并行搜索方式来搜索优化群体中的最优个体,以求得满足要求的最优解,因此遗传算法具有很好的全局优化性能和稳定性。遗传算法求解基函数参数的步骤如下:

(1) 构造初始种群

以 $k = 4$ 为例,每个个体含有 15 个参数,可分别在 $[-10, 10]$ 之间随机选取,在得到一组参数后即可计算偏移场,一般情况下,偏移场的值大于 0.25,如果有某个点的偏移场值小于 0.25,则舍弃这组参数,重新选取,直到选满 M 组为止。

(2) 计算适应度

若目标函数选用式(3),则适应度函数定义为

$$f = 1/H \tag{4}$$

(3) 遗传

遗传操作是采用轮盘赌的方法,并将最优的 5% 的个体保留到下一代。

(4) 交叉

按交叉概率 p_c 做算术交叉。设在两个个体 $X_i^{(t)}$ 、 $X_j^{(t)}$ 之间进行算术交叉,则产生的两个新个体分别是

$$\begin{cases} X_i^{(t+1)} = wX_i^{(t)} + (1-w)X_j^{(t)} \\ X_j^{(t+1)} = wX_j^{(t)} + (1-w)X_i^{(t)} \end{cases} \tag{5}$$

其中, w 是 $[0, 1]$ 之间的常量,通常取 $w = 0.5$ 。

(5) 变异

按变异概率 p_m 进行变异,使得每个个体的参数在原来的基础之上加上一随机数,不过必须要保证产生的偏移场的值都大于 0.25。

(6) 重复步骤(2)到步骤(5),直到达到停止条件为止。

遗传算法迭代到一定的步数 T 后停止。一般情况下,取种群数 $M = 50$,交叉概率 $p_c = 0.5 \sim 0.8$,变异概率 $p_m = 0.001 \sim 0.01$,迭代步数 $T = 100 \sim 1\,000$ 。由于本文要求解的参数多达 15 个,因此搜索的空间比较大,理论上遗传算法可以找到全局最优值,但是由于受种群规模、初始种群、种群最优点的影响,在有限步数范围内很难找到全局最优解,且整个种群收敛的速度非常慢,甚至 20 000 步以后还不收敛,因此本文对传统的遗传算法进行了改进,使其能更容易、更快地找到全局最优解,以跳出局部最优。

2.3.2 改进的遗传算法去偏移场模型

传统的遗传算法运算时,一旦初始种群中的最优解是局部最优,且离全局最优解较远时,但由于搜索的空间比较大,会导致其不易跳出局部最优,因此为了得到全局最优解,本文在第 3 步遗传操作完成以后,再加上趋优操作,即让当前的非优个体以一较快的速度向当前最优个体靠拢:

$$\mathbf{X}_i = \mathbf{X}_i + \text{sgn}(\mathbf{X}_{\text{best}} - \mathbf{X}_i) \times \text{rand} \times (1 - \exp(-\|\mathbf{X}_{\text{best}} - \mathbf{X}_i\|^q)) \times A_{\text{max}} \quad (6)$$

其他的步骤保持不变,其中 \mathbf{X}_i 表示种群中的一个个体, rand 是 $[0, 1]$ 之间的随机数, \mathbf{X}_{best} 是当前最优个体位置, sgn 是判断 $\mathbf{X}_{\text{best}} - \mathbf{X}_i$ 优劣的符号函数, $\|\mathbf{X}_{\text{best}} - \mathbf{X}_i\|$ 是比较 \mathbf{X}_i 到 \mathbf{X}_{best} 的欧氏距离,用以判断两者之间的差别, q 是指数,一般取 $q = 2$, A_{max} 是最大搜索范围,一般情况下,由于只要 30 ~ 60 步就收敛了,所以本文的实验取 $A_{\text{max}} = 1/5$ 。当 $\|\mathbf{X}_{\text{best}} - \mathbf{X}_i\|^q$ 比较大时,则说明 \mathbf{X}_i 距离 \mathbf{X}_{best} 较远,这时 \mathbf{X}_i 将以较大的速度向 \mathbf{X}_{best} 靠拢,为了保证算法的收敛,本文限定速度大小在 $[0, A_{\text{max}}]$ 之间;当 $\|\mathbf{X}_{\text{best}} - \mathbf{X}_i\|^q$ 较小时,则说明 \mathbf{X}_i 距离 \mathbf{X}_{best} 较近,这时 \mathbf{X}_i 将以较小的速度向 \mathbf{X}_{best} 靠拢。这样,既体现了步骤(3)遗传操作向最优个体靠近的思想,又体现了步骤(4)交叉操作产生最优个体的思想,这样由于产生了新个体,所以更近一步增加了全局搜索能力。和步骤(4)交叉操作随机产生最优个体不同的是,由于本文提出趋优操作是有目的地、有方向地向最优个体靠拢,因此改进后的遗传算法收敛更快,更具有全局搜索能力,更易找到全局最优解。

3 实验结果与分析

图 2(a) 中的图(1)是一幅含有较强偏移场的真实的脑 MR 图像,大小是 190×254 pixels。采用 BSE 算法得到的脑组织部分如图 2(a) 的图(2)所示,从图 2(a) 的图(2)中可以看出,偏移场使得图像的上半部偏暗,下半部偏亮,这时若直接采用高斯混合模型进行分割将导致分割错误,其分割结果如图 2(b) 中的图(1) ~ (3) 所示,分别是白质、灰质、脑脊液的分割结果。图 2(c) 中的图(1)是采用梯度下降法得到的恢复图像,图 2(c) 的图(2)是图 2(c) 的图(1)的直方图,图 2(c) 的图(3)是求得的偏移场,图 2(c) 中的图(4) ~ (6) 分别是白质、灰质、脑脊液的分割结果图,由于图

像中含有较强的偏移场,使梯度下降法陷入了局部最优,从而恢复图像失败,分割结果错误。图 2(d) 的图(1)是基于传统遗传算法得到的恢复图像,图 2(d) 的图(2)是其直方图,图 2(d) 的图(3)是求得的偏移场,图 2(d) 中的图(4) ~ (6) 分别是白质、灰质、脑脊液的分割结果图,由于偏移场较强,搜索的空间较大,容易陷入局部最优,因此最终得到的图 2(d) 的图(1) 的右上部还是比较亮,也直接导致了白质部分过分割。尽管如此,由于遗传算法是基于全局搜索的方法,较之梯度下降法,其恢复的图像质量已有了很大的提高,因此 3 类组织在直方图分布中显得更明显。图 2(f) 是传统的和改进的遗传算法求得的信息熵比较图,为了消除初始种群对算法的影响,本文在传统的遗传算法和改进的遗传算法中都采用相同的初始种群,图 2(f) 中的点线是传统遗传算法的迭代曲线,总共迭代了 1 000 次,耗时 1 419.08s(本文实验的编程环境为 Matlab6.5),图像的信息熵下降得非常缓慢,且还未收敛。图 2(e) 的图(1)是基于改进的遗传算法得到的恢复图像,图 2(e) 的图(2)是其直方图,图 2(e) 的图(3)是求得的偏移场,图 2(e) 中的图(4) ~ (6) 分别是白质、灰质、脑脊液的分割图,由该图可以看出,由于采用了“趋优”操作,可使每组参数都按照式(6)向最优参数靠拢,因此能更快更易找到全局最优解。图 2(f) 中的实线是改进的遗传算法的迭代曲线,迭代到 100 步的时候就已经收敛了,耗时仅 173.03s,时间只是以前算法的 1/8。从各个算法的直方图分布上看,改进的遗传算法的直方图更符合高斯分布,白质、灰质和脑脊液 3 类组织的分布更明显。本文使用下式判断分割的精度:

$$J(S_1, S_2) = \frac{|S_1 \cap S_2|}{|S_1 \cup S_2|} \quad (7)$$

S_1, S_2 分别是准确的分割结果和需要判断的分割结果(表 1):

表 1 分割精度比较表

Tab. 1 Segmentation precision comparison table

算法	分割精度 (%)		
	白质	灰质	脑脊液
梯度下降法	45.69	61.07	79.82
遗传算法	81.54	88.04	87.66
改进的遗传算法	99.00	99.13	98.23

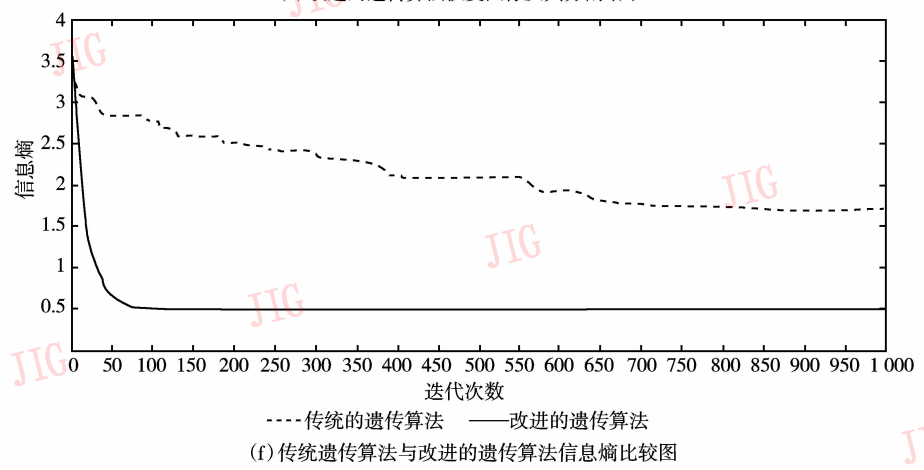
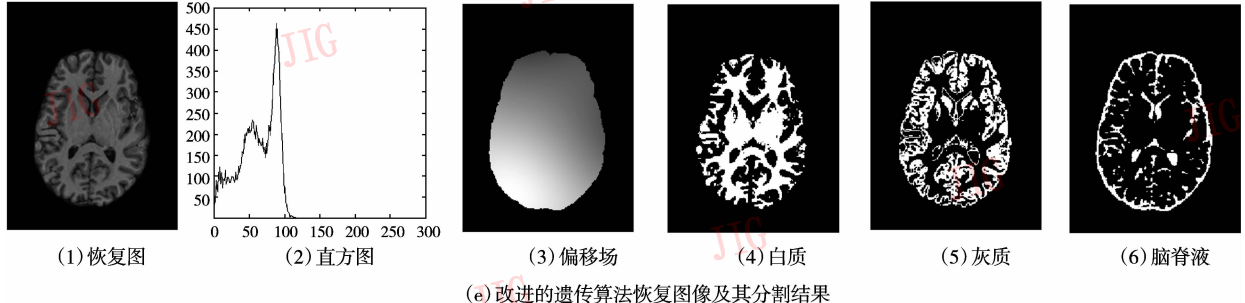
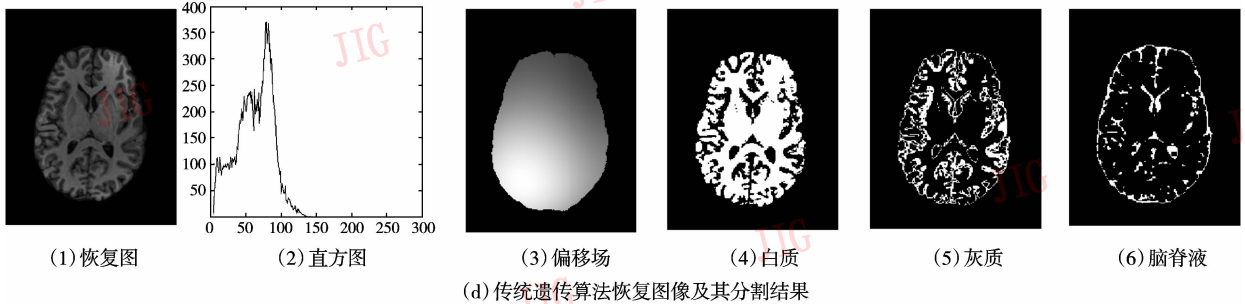
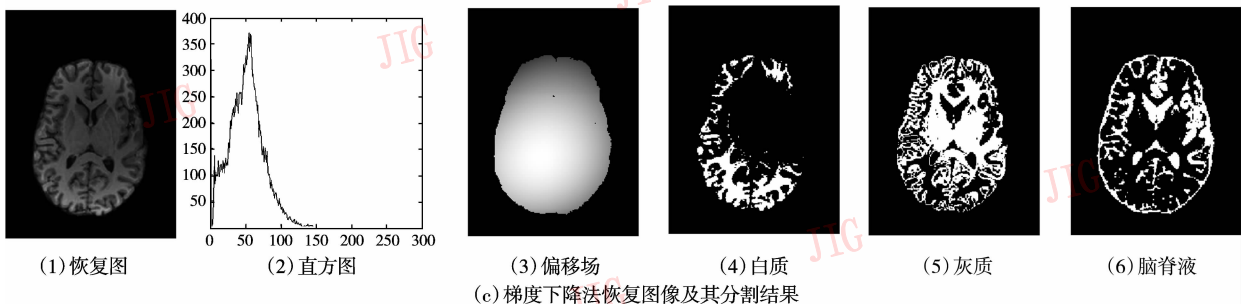
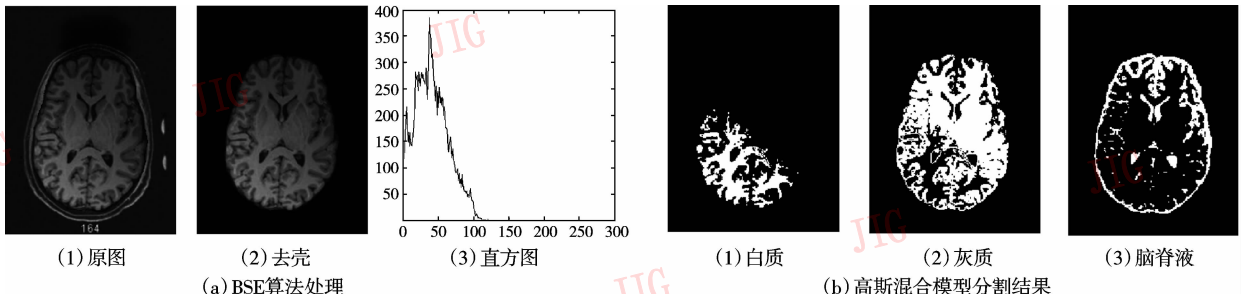


图 2 脑 MR 图像分割结果

Fig. 2 Brain MR image segmentation results

4 结 论

本文通过 Legendre 多项式基函数拟合偏移场, 以使得到的恢复图像的信息熵最小, 并针对传统的梯度下降法和传统的遗传算法计算复杂度高, 易陷入局部最优的缺点, 给出了改进的遗传算法, 改进算法更易得到全局最优解。实验证明, 本文算法不仅可以得到较精确的偏移场, 并能得到准确的分割结果。

参考文献 (References)

- Jungke M, Von S W, Bielke G, *et al.* A system for the diagnostic use of tissue characterizing parameters in NMR-tomography [A]. In: Proceedings of International Conference on Information Processing in Medical Imaging [C], Utrecht, The Netherland, 1987, **39**: 471 ~ 481.
- Lufkin R B, Sharpless T, Flannigan B, *et al.* Dynamic-range compression in surface-coil MRI [J]. American Journal of Roentgenology, 1986, **147**(2): 379 ~ 382.
- Axel L, Costantini J, Listerud J. Intensity correction in surface-coil MR imaging [J]. American Journal of Roentgenology, 1987, **148**(2): 418 ~ 420.
- Lim K O, Pfferbaum A. Segmentation of MR brain images into cerebrospinal fluid spaces, white, and gray matter [J]. Journal of Computer Assisted Tomography, 1989, **13**(4): 588 ~ 593.
- Dawant B M, Zijdenbos A P, Marolin R A. Correction of intensity variations in MR images for computer-aided tissue classification [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1993, **12**(4): 770 ~ 781.
- Gohagan J, Spitznagel E, Murphy W, *et al.* Multispectral analysis of MR images of the breast [J]. Radiology, 1987, **163**(3): 703 ~ 707.
- Aylward S, Coggins J. Spatially invariant classification of tissues in MR images [A]. In: Proceedings of the SPIE, Third Conference on Visualization in Biomedical Computing [C], Rochester, MN, USA, 1994, **2359**: 353 ~ 361.
- Wells W M, Grimson W E L, Kikinis R, *et al.* Adaptive segmentation of MRI data [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1996, **15**(4): 429 ~ 441.
- Guillemaud R, Brady M. Estimating the bias field of MR images [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1997, **16**(3): 238 ~ 251.
- Pham D L, Prince J L. Adaptive fuzzy segmentation of magnetic resonance image [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1999, **18**(9): 737 ~ 752.
- Chen Wei-jie, Giger M L. A fuzzy c-means (FCM) based algorithm for intensity inhomogeneity correction and segmentation of MR images [A]. In: Proceedings of the 2004 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro [C], Arlington, VA, USA, 2004, **2**: 1307 ~ 1310.
- Leemput K V, Maes F, Vandermeulen D, *et al.* Automated model-based bias field correction of MR images of the brain [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1999, **18**(10): 885 ~ 896.
- Styner M, Gerig G, Brechbuehler C, *et al.* Parametric estimate of intensity inhomogeneities applied to MRI [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2000, **19**(3): 153 ~ 165.
- Ashburner J, Friston K J. Voxel-based morphometry: the methods [J]. NeuroImage, 2000, **11**(6): 805 ~ 821.
- Salvado O, Wilson D L, Suri J S, *et al.* MR signal inhomogeneity correction for visual and computerized atherosclerosis lesion assessment [A]. In: Proceedings of the 2004 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From Nano to Macro [C], Arlington, VA, USA, 2004, **2**: 1143 ~ 1146.
- Decarli C, Murphy D G M, Teichberg D, *et al.* Local histogram correction of MRI spatially dependent image pixel intensity nonuniformity [J]. Magnetic Resonance Imaging, 1996, **6**(3): 519 ~ 528.
- Lemieux L, Hagemann G, Krakow K, *et al.* Fast, accurate, and reproducible automatic segmentation of the brain in T1-weighted volume MRI data [J]. Magnetic Resonance in Medicine, 1999, **42**(1): 127 ~ 135.
- Shattuck D W, Sandor-Leahy S R, Schaper K A, *et al.* Magnetic resonance image tissue classification using a partial volume model. NeuroImage, 2001, **13**(5): 856 ~ 876.
- Smith S M. Fast robust automated brain extraction [J]. Human Brain Mapping, 2002, **17**(3): 143 ~ 155.
- Sled J G, Zijdenbos A P, Evans A C. A nonparametric method for automatic correction of intensity nonuniformity in MRI data [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 1998, **17**(1): 87 ~ 97.
- Zhou Ming, Sun Shu-dong. Genetic Algorithm Principle and Application [M]. Beijing: National Defence Industry Press, 1999: 5 ~ 35. [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: 5 ~ 35.]