

使用特征点与灰度值的医学图像局部配准方法

彭文 童若锋 钱归平 董金祥

(浙江大学人工智能研究所, 杭州 310027)

摘要 针对医学图像配准中,存在某些图像间大部分区域没有差异或者存在差异但不被关心的情况,提出了一种局部图像配准方法。该方法使用局部可控的紧支撑径向基函数作为配准变换函数,通过在感兴趣区域设置特征点,将变换函数作用范围限制在图像中某一特定区域,保持其他区域不发生变形。利用图像间的互信息量作为测度函数,更加精确地求解变换函数。在优化策略的选择中,将图像配准看作为寻优过程,采用基于小生境的遗传算法优化变换函数参数,能够克服经典遗传算法早熟、搜索能力差等缺点。通过对已知变换函数的仿真图像与真实医学图像进行实验,结果表明该算法能够准确地找到较优的变换函数,并且将作用区域限制在较小范围内。该方法结合了基于特征点和基于像素配准方法的优点,有效的搜索策略保证了变换函数准确性,是一种可行的、鲁棒的局部医学图像配准方法。

关键词 医学图像配准 特征点 互信息 小生境遗传算法

中图分类号: TP391.41 **文献标识码**: A **文章编号**: 1006-8961(2008)05-0944-07

Local Registration of Medical Images Using Feature Point and Intensity Information

PENG Wen, TONG Ruo-feng, QIAN Gui-ping, DONG Jin-xiang

(Institute of Artificial Intelligence, Zhejiang University, Hangzhou 310027)

Abstract A local image registration method is proposed specially for the conditions when images, in medical image registration, are largely similar or the differences are not significant. The transformation function is a radial basis function with compact support and its locality can be conveniently controlled by distributing the feature points into the desired regions, which especially allows us to deal with local changes in medical images. Mutual information is chosen as cost function in order that the transformation function can be achieved accurately. In the process of the optimization, the image registration is treated as optimal problem and niche genetic algorithm is employed to optimize the transformation function parameters because it can overcome the drawbacks of premature and weak exploitation capabilities compared with genetic algorithm. The experiments on the simulated image with the known transformation function and the real image are conducted by using the proposed method. The results show that the optimal transformation function can be found and its action domain is controlled within a relatively small region. The presented method, which is a feasible and robust medical image registration approach, exploits the advantages of both feature points and intensity information and can obtain the accurate transformation function by the efficient optimization strategy.

Keywords medical image registration, feature points, mutual information, niche genetic algorithm

基金项目: 国家重点基础研究发展规划(973)项目(2006CB303106); 浙江省自然科学基金项目(M603129)

收稿日期: 2006-09-28; **改回日期**: 2007-01-23

第一作者简介: 彭文(1980~), 男, 讲师。2007年于浙江大学获计算机科学与技术专业博士学位。主要研究方向为图像配准、计算机辅助设计等。E-mail: pengwen@zju.edu.cn

1 引言

近年来,医学影像学不断发展,已经被广泛应用于临床诊断和治疗中。在临床上通常需要将同一病人的多种模式成像结果结合起来进行分析,以提高医学诊断和治疗的水平。但是由于图像可能来自不同的病人或者同一病人的不同拍摄时期,也可能来源于不同的成像仪器,因此很难将多幅图像严格对齐。医学图像配准就是通过寻找一种空间变换,使两幅图像的对应点达到空间位置和解剖结构的完全一致。

图像配准一般可以分为基于特征点和基于像素灰度(体素)的两大类方法^[1]。基于特征点的方法根据图像间的共有特征点进行几何配准,该方法原理简单,应用面广^[2-4]。基于像素灰度的方法一般利用像素灰度相似性进行配准,不需要对图像做预处理,配准精确度高^[5-7]。

在一些情况下,医学图像中感兴趣部分只局限于某一特定区域,这样为了配准此类图像,变形函数作用范围应该尽可能集中在此区域内才能更好地描述图像间的差异。然而,目前绝大多数配准算法都只能作用于整幅图像^[2-7],不能局限于某一区域。为了解决局部配准问题,Fornefett使用一种紧支撑径向基函数作为变换函数,在感兴趣区域内选取一定数量的特征点,通过改变每个特征点的作用半径能够方便地控制变换函数的局部性,取得了满意的结果^[8]。但是在文献[8]中,要求每个形状特征点的作用半径都是相同的,并且数值大小是通过实验不断测试得到的,这显然不是很合理。另外,算法确定变换函数过程中仅仅使用特征点信息,配准结果不够精确。

本文提出了一种混合的局部医学图像配准方法,同时利用特征点与图像灰度信息更加精确的求解变换函数。将图像配准看作为优化问题,采用互信息作为衡量配准结果的相似性测度,使用小生境遗传算法(niche genetic algorithm)求取最优解。小生境遗传算法能够克服传统遗传算法早熟、搜索能力差等缺点,快速收敛于全局最优解^[9]。为了应用小生境遗传算法,变换函数中的待定系数被编码为个体基因序列,互信息用来评价个体适应度,通过种群的不断进化,最终获得互信息最大的个体,即最佳配准变换函数。

2 配准问题

假定待配准的两幅图像分别为参考图像 $f_c(X)$

和测试图像 $f_t(X)$,配准就是要定义一个相似性测度,寻找一个空间变换关系使得经过该空间变换后两幅图像之间的相似性最大,即使得图像 f_c 上的每一点在图像 f_t 上都有唯一的点与之对应,并且这两点对应同一解剖位置。数学模型可表示为

$$I(T) = I(f_c(X), f_t(T(X))) \quad (1)$$

式中, I 是相似性测度, T 为空间变换函数。一个图像配准过程可归结为以变换函数为自变量,以相似性测度为目标函数的优化问题。

3 结合特征点与灰度值的局部图像配准方法

大多数配准方法都是作用于整幅图像,不能单独处理局部图像的差异。但是在某些情况下,待配准图像间大部分区域没有差异或者存在差异但不被关心,这时需要对图像局部配准而不影响其他区域。实现局部图像配准的关键是变换函数的选取,该函数应该具有局部可控性,能够将作用范围限制于特定区域。Fornefett选择的紧支撑径向基函数具有上述功能,取得了满意的局部图像配准结果。但是Fornefett的算法中也存在一些问题,如:变换函数要求过于苛刻,忽略了图像灰度信息等。我们以此算法为基础,适当地修改了变换函数的形式,同时引入图像灰度信息和小生境遗传算法来优化变换函数,能够更好地完成局部图像配准。

3.1 变换函数

配准两幅图像时,需要根据变换参数求出空间变换函数。文献[8]中使用紧支撑径向基函数作为变换函数来配准医学图像,能够将变换函数作用范围限制在感兴趣区域,其函数形式为

$$T(x) = x + \sum_{i=1}^N c_i R(\|x - p_i\|/r) \quad (2)$$

并且满足下面条件

$$T(p_i) = q_i \quad i = 1, \dots, N \quad (3)$$

式中, p_i 为测试图像上的特征点, q_i 为参考图像上与 p_i 相对应的特征点, N 为特征点对个数。 r 为特征点的作用半径,通过调整 r 可以控制变换函数, $R(r)$ 是径向基函数,其表达式为

$$R(r) = \begin{cases} (1-r)^4(4r+1) & r \leq 1 \\ 0 & r > 1 \end{cases} \quad (4)$$

在文献[8]算法中,每个形状特征点的作用半径都要求相同,并且数值大小是通过实验不断测试得到

的,这显然不是很合理。为此,修改变换函数为

$$T(\mathbf{x}) = \mathbf{x} + \sum_{i=1}^N c_i R(\|\mathbf{x} - \mathbf{p}_i\| / r_i) \quad (5)$$

每个特征点有其自己的作用半径,给定一组作用半径就会确定一个具体变换,也就得到一种配准结果。这样,寻求最优配准结果的问题转化为求解一组最优作用半径。

3.2 相似性测度

为了衡量变换函数的好坏,需要选择一种相似性测度函数来客观地评价配准结果。基于图像灰度差值的测度函数一直是人们研究的重点,但是这种测度函数在配准图像灰度值差异较大的两幅图像时可能会得到次优解,甚至得到错误的配准结果。后来,互信息被 Collignon^[10] 和 Viola^[11] 引入配准问题中,取得了满意的结果,逐渐被越来越多的学者认同,成为图像配准中很重要的算法。

互信息是信息理论中的一个基本概念,用来衡量两个随机变量的相关性,或者一个随机变量中包含另一个随机变量信息的多少,在实际应用中,一般用概率分布来表示互信息,即

$$I(\mathbf{A}, \mathbf{B}) = \sum_{a,b} p_{AB}(a,b) \log \frac{p_{AB}(a,b)}{p_A(a)p_B(b)} \quad (6)$$

式中, \mathbf{A}, \mathbf{B} 为两个随机变量, $a \in \mathbf{A}, b \in \mathbf{B}, p_A(a), p_B(b)$ 为边缘概率分布, $p_{AB}(a,b)$ 为联合概率分布。对于离散的图像,联合概率分别可以用联合直方图表示

$$p_{AB}(i,j) = \frac{h(i,j)}{\sum_{i,j} h(i,j)} \quad (7)$$

边缘概率分布 p_A 和 p_B 分别表示为

$$\begin{aligned} p_A(i) &= \sum_j p_{AB}(i,j) \\ p_B(j) &= \sum_i p_{AB}(i,j) \end{aligned} \quad (8)$$

在医学图像配准中,虽然两幅图像来源于不同的成像设备,但是它们都是基于共同个体的同一位置的解剖信息,所以当两幅图像在空间位置配准时,其重叠部分所对应的像素对的灰度互信息应该达到最大值。图像配准的目标是寻找使两幅图像间互信息最大的变换函数。

3.3 优化策略

如前两节所述,图像配准的本质是优化问题,即寻找互信息达到最大时的空间变换参数值。在本文算法中,空间变换参数是一组作用半径,常用的优化算法如 powell、梯度下降等很难应用于该算法。主要原因有:(1)互信息的表达式很难应用于解析求解;(2)变换函

数式(5)中作用半径在分母中,求导过程异常麻烦;(3)满足约束条件式(3)。另外由于在图像配准过程中,作用半径的数量(特征点的数量)一般不会很多,因此采用小生境遗传算法来求解变换函数。

遗传算法已经在许多优化问题的应用中都取得了令人满意的结果。但其存在自身不足,即早熟收敛现象和后期搜索速度慢。基于这个原因,一种改进的遗传算法——小生境遗传算法被提出。生物学上,小生境(niche)是指特定环境中的一种组织的功能。在自然界中,往往特征、形状相似的物种(或称种群)相聚在一起,并在同类中繁衍后代。但标准遗传算法中,交叉运算完全是随机的,这样在迭代过程的后期,大量个体容易集中于某一极值点上,它们的后代造成了近亲繁殖。

基于小生境技术就是将每一代个体划分为若干类,每个类中选出若干适应度函数值较大的个体作为一个类的优秀代表组成一个种群,再在种群中以及不同种群之间通过杂交、变异产生新一代个体群。

为了应用小生境遗传算法求解图像配准问题,首先必须确定种群个体编码方式。这里采用十进制编码方式。将 N 个作用半径顺序排列成串,即构成一个个体 $\mathbf{p} = \{r_1, \dots, r_i, \dots, r_N\}$, 其中, r_i 表示特征点 p_i 的作用半径。在种群初始和不断进化过程中 r_i 本应是完全随机的,但在实际应用中,作用半径一般不会过大或者过小,因此将 r_i 限制在一个合理范围内

$$C_1 \|\mathbf{p}_i - \mathbf{q}_i\| \leq r_i \leq C_2 \|\mathbf{p}_i - \mathbf{q}_i\| \quad (9)$$

对于种群中的一个个体 $\mathbf{p} = \{r_1, \dots, r_i, \dots, r_N\}$, 根据式(5)可以确定变换函数 T , 然后计算图像 $f_c(X)$ 和 $f_i(T(X))$ 的互信息 I_p , 将 I_p 作为个体的适应度函数值来评价个体好坏。适应度函数值越大,个体越优秀。

3.4 图像插值

图像经过空间几何变换后,像素的坐标不会和原来的网格完全重合,像素的灰度值也需要重新计算,这就需要对变换后的图像进行插值计算。常用的插值算法有最近邻域法、线性插值法和 PV 插值法等,这些方法都各有优缺点。这里采用 Kybic 的方法^[12],使用 B 样条插值整幅图像,即

$$f(\mathbf{x}) = \sum_{i \in \mathcal{I} \subset \mathcal{Z}^2} b_i \psi_3(\mathbf{x} - \mathbf{i}) \quad (10)$$

式中, ψ_3 是 3 次 B 样条的张量积, $\psi_3(\mathbf{x}) = \prod_{k=1}^N \beta_3(x_k)$, $\mathbf{x} = (x_1, \dots, x_N)$, N 是图像维度。该插值过程可以在预

处理阶段完成,以减少配准算法计算时间。

3.5 算法流程

局部图像配准算法结合形状特征点和图像灰度信息,能够更加准确地实现图像间的配准。局部可控的变换函数能够限制函数作用范围在感兴趣区域。应用小生境遗传算法,具体流程如下:

(1)初始种群 随机生成 M 个个体的初始种群,每个个体的基因满足规则式(9),根据式(1)和式(5)计算每个个体的适应度函数值。设置进化代数指针 $s=1$,最大进化代数为 S 。

(2)根据适应度函数值降序排列初始种群个体,保存最好的 m 个个体。($m < M$)

(3)选择算子 对 M 个个体构成的初始种群,按“轮盘赌”方法进行比例选择运算。生成种群 $P(s)$ 。

(4)交叉算子 对种群 $P(s)$ 以交叉概率 P_c 进行单点交叉操作,产生新的种群 $P^{(1)}(s)$ 。

(5)变异算子 对种群 $P^{(1)}(s)$ 以变异概率 P_m 进行随机变异操作,变异范围同样满足式(9),产生新的种群 $P^{(2)}(s)$ 。

(6)小生境算子 合并种群 $P^{(2)}(s)$ 和 m 个保存的个体,形成小生境种群 $P_n(s)$ 。计算两两个体之间的海明距离,进行相似性比较,惩罚较差个体。个体之间的海明距离为

$$\| \mathbf{X}_i - \mathbf{X}_j \| = \sqrt{\sum_{k=1}^N (x_{ik} - x_{jk})^2} \quad (11)$$

$$i=1,2,\dots,M+m-1; j=i+1,\dots,M+m$$

如果个体之间距离小于预先设定的距离 D (小生境半径),则对其中适应度函数值较小的个体赋予罚函数,极大地降低其适应度函数值。经过此操作产生新种群 $P^{(3)}(s)$ 。

(7)根据适应度函数值降序排列种群 $P^{(3)}(s)$

个体,保存最好的 m 个个体。

(8)终止准则 如果 $s \leq S, s = s + 1, P^{(3)}(s)$ 中最好的 M 个个体被选出作为下一代初始种群,转向步骤2,否则算法停止,输出最优解。

4 实验结果

运用上述方法,对医学图像进行局部配准。在实验过程中,待配准图像大小 350×350 pixel,参数设置如下: $M=80, m=10, P_c=0.7, P_m=0.1, D=5, S=100, C_1=2, C_2=10$ 。首先,为了说明本文算法能够准确地求解变换函数,用已知函数作用一幅图像得到测试图像,然后将测试图像与原图像进行配准。对于已知函数的选取,仍然采用本文的紧支撑径向基函数形式。在图1中,(a)为测试图像,选取8个特征点,对每个特征点设置作用半径,得到已知变换函数,将该变换作用于测试图像得到参考图像图1(b)。针对这种情况分别选取5组不同的作用半径进行实验,结果如表1所示。为了加快求解速度,在遗传算法进化过程中,设置每个作用半径的精度为小数点后一位,因为在实验过程中发现多高的精度对于配准变换结果的影响不大。如果只保留小数点后一位,那么造成的最大误差为0.05,图1(b)的生成过程中,每个特征点的影响半径增加0.05后与图1(a)的互信息改变量为 3×10^{-5} ,变换后图像几乎没有差别。从表中可以看出当影响半径较大时导致图像变换范围扩大而使得配准前图像间的互信息较小,反之则较大。数据显示本文算法能够较好的求解已知局部配准变换函数的图像配准。图1(c)为第3组实验得到的配准结果。

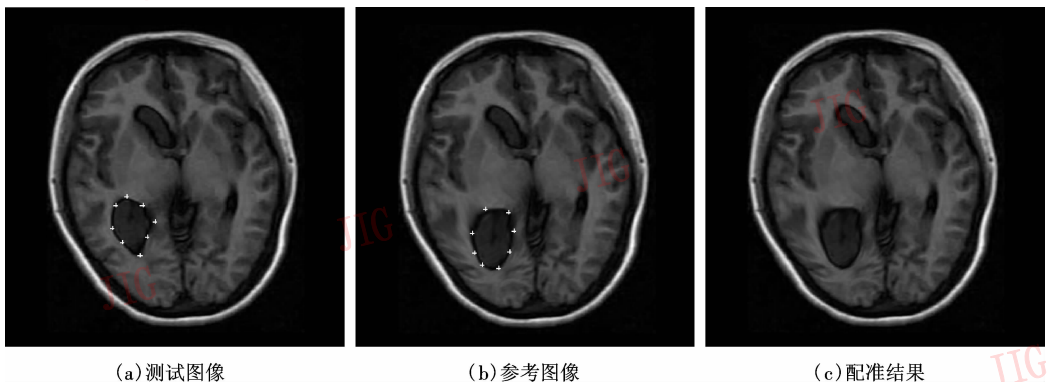


图1 已知配准变换函数的图像配准结果

Fig. 1 Image registration result with known transformation

表 1 已知变换函数配准结果比较,原始图像自身互信息为 2.70

Tab. 1 Registration result with known transformation function, MI of the original image with itself is 2.70

实验		作用半径								配准前	配准后
		R_1	R_2	R_3	R_4	R_5	R_6	R_7	R_8	互信息量	互信息量
1	已知	34	28	19	28	37	20	25	29	—	—
	结果	33.5	28.1	19.0	28.8	35.9	20.8	24.8	29.3	2.01	2.63
2	已知	25	30	35	40	40	35	30	25	—	—
	结果	25.0	30.6	36.4	40.5	39.8	35.9	28.8	24.6	1.93	2.61
3	已知	60	60	60	60	60	60	60	60	—	—
	结果	58.8	60.7	60.1	61.1	61.2	59.4	60.1	59.1	1.88	2.60
4	已知	28	29	30	31	32	33	34	35	—	—
	结果	28.0	29.4	30.6	31.1	32.6	32.4	34.7	35.2	1.98	2.62
5	已知	71	79	43	80	78	60	76	65	—	—
	结果	71.7	78.3	43.2	79.9	78.4	60.1	76.5	65.3	1.86	2.61

采用真实图像进行配准实验,结果如图 2 所示,其中,(a)和(b)中下部黑色区域为待配准部分,交互地在此感兴趣区域周围选取 13 对形状特征点对,运行本文算法得到配准结果如图 2(c)所示。参考图像图 2(a)与测试图像图 2(b)原有互信息量为 0.78,经过配准后,图 2(a)和图 2(c)的互信息量为 1.15,配准效果非常理想。图 2(d)为标准网格经过变换函数作用的结果,可以看出变换函数具有局部可控性,作用范围限制在特征点周围一定区域内。

参数 C_1, C_2 的选取对函数局部性具有很大的影响,如果 C_1, C_2 过小,在优化过程中会出现一些作用半径较小的解,而这样的解会造成特征点孤立,彼此之间互不影响,如图 3(a),这显然是应该避免的。 C_1, C_2 过大那么函数的控制范围也将扩大,变换函数趋于全局变换而会失去局部可控性,同时配准结果会涉及到其他没有变换或者不感兴趣的区域如图 3(b),这也是我们不希望看到的结果。因此 C_1, C_2 应该选择在适中的范围,实验结果显示, $C_1 = 2, C_2 = 10$ 是比较合理的设置。另外需要说明,两幅图像中其他区域也存在一些差异,但是本文只讨论局部配准,不考虑其他区域变形。

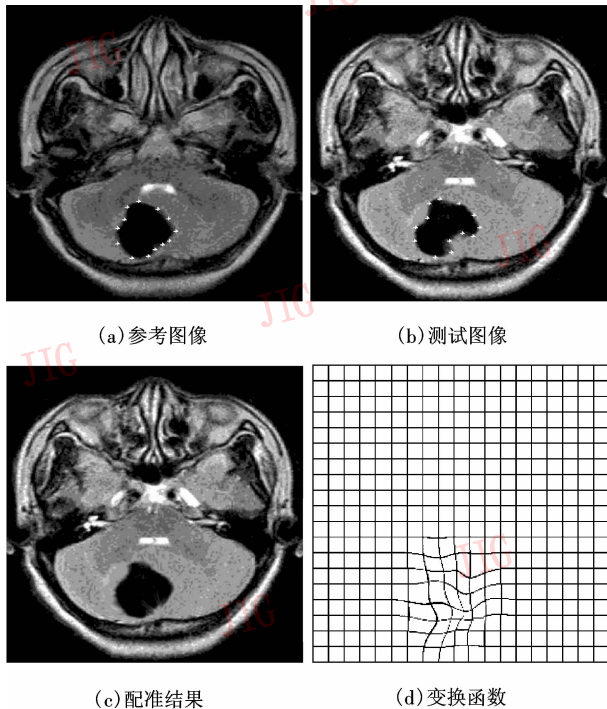


图 2 本文算法配准结果

Fig. 2 Experimental result with our method

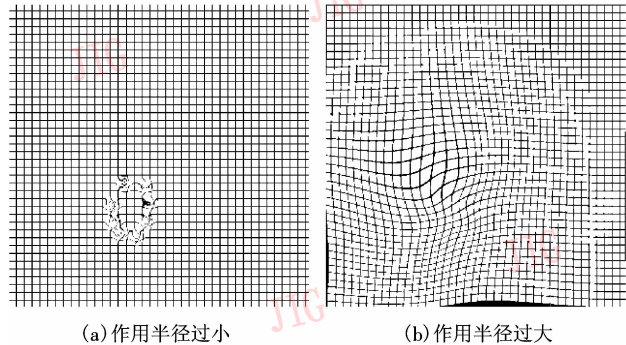


图 3 不理想的变换函数

Fig. 3 Unsatisfying transformation functions

图 4 为变形后测试图像 $f_i(T(X))$ 与参考图像 $f_c(X)$ 之间互信息量随着进化代数的变化过程,从图中可以看出 NGA 具有较强的搜索能力,能够快速地收敛于全局最优解。在实验中,参数小生境半径 D 设置非常重要,它控制算法收敛速度和求解精度。

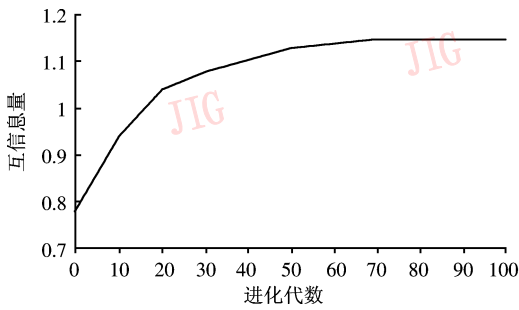


图 4 互信息量随进化代数变化趋势

Fig. 4 Trend of MI with the evolution generation

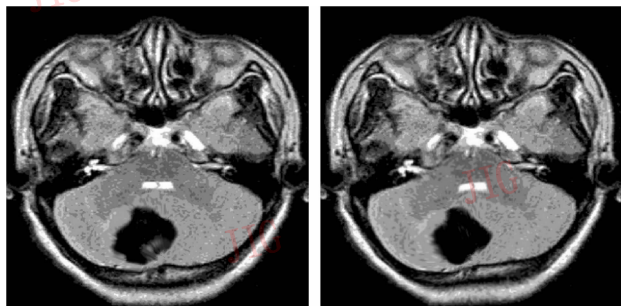
D 过小,小生境算子失去作用,算法退化为经典遗传算法; D 过大,大量的个体被淘汰,会出现早熟现象。经过实验测试,5 到 10 是比较合理的范围。

此外,为了比较本文提出算法的有效性,实现了文献[8]中的算法,算法要求所有特征点的作用半径相同并且没有优化过程,因此设置 r 从 20 到 100,依次实现配准过程,数据对比如表 2 所示,结果如图 5 所示。从配准结果图和互信息数据对比中可以看

表 2 算法结果对比

Tab. 2 Comparison of results with different algorithms

算 法	r	互信息量
文献[8]算法	20	0.93
	30	0.85
	40	0.91
	50	0.96
	60	1.01
	70	0.87
	80	0.90
	90	0.94
	100	0.80
	本文算法	



(a) $r=20$

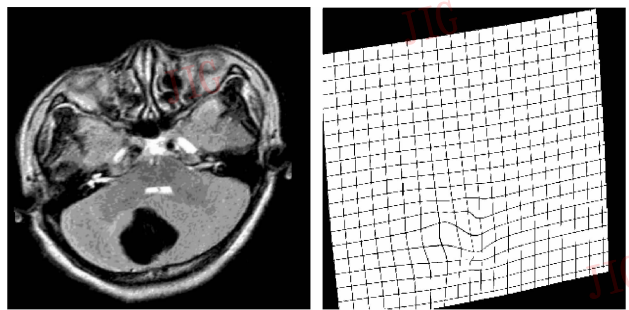
(b) $r=60$

图 5 文献[8]配准结果

Fig. 5 Registration result with method in Ref. [8]

出由于文献[8]中只利用特征点信息,忽略了图像灰度信息,结果并不是非常理想,而本文算法利用了灰度信息并且加入了优化过程,配准结果的精确性显著提高。而图 6 为基于特征点配准最为常用的薄板样条函数的配准结果^[13],从图中看出在感兴趣区域配准效果同样很理想,但是整幅图像都被变形,显然这并不是我们所希望的。

本文算法手工选取特征点对于不同模图像间配准不存在任何障碍,而互信息测度函数也同样适用于多模图像,因此本文算法也能处理多模图像间的医学图像配准。



(a) 配准结果

(b) 变换函数

图 6 文献[13]薄板样条函数配准结果

Fig. 6 Registration result with thin plate splines in Ref. [13]

5 结 论

医学图像配准方法通过局部可控的紧支撑径向基函数插值特征点建立配准变换函数,能够更加详细地描述图像间局部变形。将图像配准转化为优化问题,以参考图像和配准结果图像间的互信息作为个体的适应度评价函数,采用小生境遗传算法搜索全局最优解,从而获取最佳配准结果。实验结果表明,该方法同时使用特征点和图像灰度信息,结合了两者的优点,是一种准确、鲁棒的局部图像配准算法。

参考文献 (References)

- 1 Zitova B, Flusser J. Image registration methods: a survey[J]. Image and Vision Computing, 2003, 21(11):977 ~ 1000.
- 2 Hyunjin P, Peyton H, Kristy K, et al. Adaptive registration using local information measures [J]. Medical Image Analysis, 2004, 8(4):465 ~ 473.
- 3 Can A, Stewart C. A feature-based, robust, hierarchical algorithm for registration pairs of images of the curved human retina[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2002,

- 24(3):347~363.
- 4 Zhang Er-hu, Bian Zhen-zhong. A new robust point registration algorithm by maximization of entropy and mutual information [J]. *Journal of Computer Research and Development*, 2004, **41**(7):1194~1199. [张二虎, 卞正中. 基于最大熵和互信息最大化的特征点配准算法[J]. *计算机研究与发展*, 2004, **41**(7):1194~1199.]
- 5 Xie Z, Farin G. Image registration using hierarchical B-splines [J]. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 2004, **10**(1):85~94.
- 6 Maes F, Vandermeulen D, Suetens P. Medical image registration using mutual information [J]. *Proceedings of the IEEE*, 2003, **91**(10):1699~1722.
- 7 Chen Yu, Zhuang Tian-ge, Wang He. The application of Histogram-based mutual information estimation in non-rigid image registration [J]. *Chinese Journal of Computers*, 2000, **23**(4):444~447 [陈昱, 庄天戈, 王合. 直方图估计互信息在非刚性图像配准中的应用[J]. *计算机学报*, 2000, **23**(4):444~447]
- 8 Fornefett M, Rohr K, Stiehl H. Radial basis functions with compact support for elastic registration of medical images [J]. *Image and Vision Computing*, 2001, **19**(1~2):87~96.
- 9 Wei L, Zhao M. A niche hybrid genetic algorithms for global optimization of continuous multimodal functions [J]. *Applied Mathematics and Computation*, 2005, **160**(3):649~661.
- 10 Collignon A, Maes F, Delaere D, *et al.* Marchal. Automated multimodality image registration based on information theory [A]. In: *Proceedings of Information Processing in Medical Imaging Conference* [C]. Dordrecht Holland: Kluwer Academic Publishers, 1995:263~274.
- 11 Viola P. Alignment by maximization of mutual information [D]. Boston, MA: Massachusetts Institute Technology, 1995.
- 12 Kybic J, Unser M. Fast parametric elastic image registration [J]. *IEEE Transactions on Image Processing*, 2003, **12**(11):1427~1442.
- 13 Wang H, Zheng B, Good W, *et al.* Thin-plate spline based automatic alignment of dynamic MR breast images [A]. In: *Proceeding of Annual Engineering in Medicine and Biology Society International Conference* [C], Chicago IL USA, 2000:2850~2853.