

一种基于遗传算法的双 T-Snake 模型 图像分割方法

张建伟 罗 剑 夏德深

(南京理工大学计算机系, 南京 210094)

摘 要 Snake 的初衷是为了进行图像分割,但它对初始位置过于敏感,且不能处理拓扑结构改变的问题。初始位置的敏感性可以用遗传算法来克服,因为它是一种全局优化算法,且有好的数值稳定性。为了更精确地进行图像分割,本文提出了一种基于遗传算法的双 T-Snake 模型图像分割方法,它将双 T-Snake 模型解作为遗传算法的搜索空间,这既继承了 T-Snake 模型的拓扑改变能力,又加快了遗传算法的收敛速度。由于它利用遗传算法的全局优化性能,克服了 Snake 轮廓局部极小化的缺陷,从而可得到对目标的更精确的分割。将其应用于左心室 MRI 图像的分割,取得了较好的效果。

关键词 Snake 模型 双 T-Snake 模型 图像分割 遗传算法

中图法分类号: TP391.41 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(2005)01-0038-05

An Image Segmentation Method of Dual-T-Snakes Model Based on the Genetic Algorithm

ZHANG Jian-wei, LUO Jian, XIA De-shen

(Department of Computer, Nanjing University of Science and Technology, Nanjing 210094)

Abstract The original purpose of Snakes is for image segmentation. The method suffers from a strong sensitivity to its initial position and can not deal with topological changes. Its sensitivity to initialization can be overcome by the genetic algorithms (GAs). The GAs is a global optimal searching algorithm and has better numerical stability. But its disadvantages are the computational complexity and the rapid increasing of computation by the augmentation of the search space. They both affect the convergence rate of the GAs. This paper presents an image segmentation method of Dual-T-Snakes model based on the GAs. By making use of the Dual-T-Snakes model, it inherits the capability of changing the topology of the T-Snake, reduces the valid search space for the GAs to remedy its limitations. The solution of the Dual-T-Snake consists of two curves enclosing each object boundary, and it is composed the valid search space of the GAs. The optimal object boundary can be obtained through the operation of selection, crossover, and mutation. The new model can accelerate the convergence rate while inheriting the capability of changing the topology of the T-Snake, avoid local minima from Snakes model, and maintain the global optimal ability of the GAs, then obtain more precise segmentation. Better results are achieved in application of this method on segmentation of cardiac magnetic resonance images.

Keywords Snake model, Dual-T-Snake model, image segmentation, genetic algorithms

1 引 言

基于轮廓演化的形变模型近年来已被广泛地应用于图像分割。目前常见的轮廓演化模型有基于参

数的模型和基于几何特性的模型两种。Snake 模型就是一种常见的基于参数的模型^[1],它首先在图像的兴趣区域(region of interest, ROI)附近定义一条带有能量的样条曲线(轮廓),然后在曲线自身的内力和图像信息产生的外力共同作用下不断运动,最

基金项目:香港特区政府研究资助局研究项目(CUHK/4180/01E, CUHK/1/00C)

收稿日期:2004-04-19; 改回日期:2004-06-25

第一作者简介:张建伟(1965 ~),男,1998年毕业于武汉大学计算机系,获硕士学位。现为南京理工大学博士研究生,南京信息工程大学副教授。主要研究方向为图像处理、模式识别、数值分析与算法。E-mail: zhangjw@nuist.edu.cn

后使该样条曲线收敛到目标边缘,此时,其能量处于最小。由此可见,该算法等同于一种约束优化方法。Snake 模型已经被证明为是一种高效的轮廓探测方法^[1~3]。

然而,Snake 模型也有许多局限,如它强烈地依赖于轮廓的初始位置,且捕捉范围小,不仅因进入凹陷区困难而常陷于能量局部极值,而且不支持拓扑改变;另外在外力很小时,轮廓会收缩到一点,而边界很弱时,轮廓又会渗透过边界;同时,模型参数的确定也没有理论的指导。针对这些不足,有不少文献提出了改进办法,如 Cohen 引入了膨胀力^[4],从而保证了 Snake 的收敛性;Xu 等提出了梯度向量流 (gradient vector flow, GVF) Snake 模型^[3],该模型对图像梯度场逼近构造了一种新的外力,通过严格地在内力和外力的作用下达到平衡时来得到目标边缘。GVF Snake 模型的捕捉范围虽得到了提高,但处理费时,难以实时应用。

对初始位置的敏感性可用全局优化技术来处理,因为它的优势在于能保证 Snake 能量全局最小化。由于遗传算法的这一全局优化方法对图像边缘性态要求低,且无需其梯度或导数信息,因此相对参数模型来说,其数值稳定性高,但缺点是计算量随搜索空间的增大而增长迅速。

本文将双 T-Snake 方法和遗传算法结合起来,利用双 T-Snake 模型继承拓扑结构改变的能力来为遗传算法缩小有效搜索空间,以弥补遗传算法的局限。双 T-Snake 模型的解由包含所有目标边界的两条闭合曲线构成,并以此作为遗传算法的有效搜索空间,然后通过复制、交叉、变异等操作来获取最优目标边界。该方法在继承 T-Snake 模型的拓扑改变能力的同时,还避免了 Snake 模型的局部极小化,并保持了遗传算法的全局优化的特点。

2 双 T-Snake 模型

2.1 T-Snake 模型

双 T-Snake 模型的基础是 T-Snake 模型。离散 T-Snake 模型^[5,6]是先在待分割图像上加一三角形网格,然后在图像区域的适当位置作一条初始曲线,最后取曲线与网格的交点作为 Snake 的初始离散点。其第 i 个 Snake 离散点 v_i 的坐标为 (x_i, y_i) , $i=0,1,\dots,N-1$,相邻两点 v_i, v_{i+1} 之间由一条弹性样条连接而成,其弹性力系数为 a_i ,初始长度为 l_i 。

T-Snake 模型的机理是曲线在自身的内力和图像信息决定的外力的共同作用下不断向目标边界靠拢。每个点上的内力由弹性力、刚性力和法向力组成;外力由图像信息决定。

弹性力大小为

$$\alpha_i = a_i e_i r_i(t) - a_{i-1} e_{i-1} r_{i-1}(t) \quad (1)$$

其中, $r_i(t) = \|v_{i+1} - v_i\|$, $e_i = r_i(t) - l_i$ 。

刚性力大小为

$$\beta_i = b_i \|v_i - \bar{v}_i\| \quad (\bar{v}_i \text{ 为 } v_{i-1} \text{ 与 } v_{i+1} \text{ 的中点}) \quad (2)$$

法向力大小为

$$F_i = k_i (\text{sign}(n_i)) \quad (3)$$

图像力大小为

$$f_i = \gamma_i \nabla I(v_i) \quad (i = 0, 1, 2, \dots, N-1) \quad (4)$$

其中, n_i 为质点 v_i 处的法向量, k_i 是法向力系数, γ_i 为图像梯度系数, $\nabla I(v_i)$ 为图像在 v_i 点处灰度的梯度,如果 $\nabla I(v_i) \geq T$, 则 $\text{sign}(n_i) = 1$, 否则 $\text{sign}(n_i) = -1$, 分别表示内外法线方向 (T 为灰度梯度阈值)。Snake 曲线上各离散点在上述各种力的共同作用下进行演化,即得到新的样条曲线,然后取样条与网格的交点作为下一步 Snake 的离散点,但必须使初始曲线作为一个整体来收缩或扩张,以使曲线从远处运动到图像力的作用区。

T-Snake 的演化方程为

$$v_i^{(t+\Delta t)} = v_i^{(t)} + h_i (\alpha_i^{(t)} + \beta_i^{(t)} + F_i^{(t)} + f_i^{(t)}) \quad (i = 0, 1, 2, \dots, N-1) \quad (5)$$

其中, h_i 为进化的步长。当迭代到一定步数或每个离散点的演化距离小于给定阈值时,则演化停止,而用离散的方法还可以使初始 Snake 轮廓有更大的选取空间。

由于 T-Snake 模型可以借助三角形网格和网格点的特征函数来确定边界三角形,可促使 Snake 模型演化过程中的分裂与合并^[7],从而保证了其具有能够处理拓扑结构复杂图像的能力。

2.2 双 T-Snake 模型

双 T-Snake 模型^[7]的主要思想是采用内外两个初始轮廓,其中一个轮廓从目标外向内收缩和分裂,另一个轮廓从目标内部向外膨胀,两个初始轮廓可以离目标边界较远,迭代过程中对能量较大的轮廓增加驱动力,使其靠近与之相对应的轮廓,直到两个轮廓收敛到同一个解为止。

为了使外部轮廓向内收缩,内部轮廓向外扩展,双 T-Snake 模型的外部轮廓上的法向力向内,内部轮廓上的法向力向外。内外 Snake 轮廓各自具有的

能量 E_{outer}, E_{inner} 如下:

$$E_{outer} = \sum_{i=0}^{N-1} (-\|\nabla I(\mathbf{v}_i)^2\|) / N \quad (6)$$

$$E_{inner} = \sum_{i=0}^{\hat{N}-1} (-\|\nabla I(\mathbf{v}_i)^2\|) / \hat{N} \quad (7)$$

其中, N 为外部 Snake 轮廓上的离散点的数目, \hat{N} 为

内部 Snake 轮廓上离散点的数目。当 $E_{outer} > E_{inner}$ 时, 外部 Snake 轮廓按式 (5) 进行演化, 否则内部 Snake 轮廓进行演化。

当内部 Snake 轮廓和外部 Snake 轮廓都达到稳定时, 则停止轮廓的演化。此时, 内外 Snake 轮廓都很接近目标边界 (如图 1 所示)。

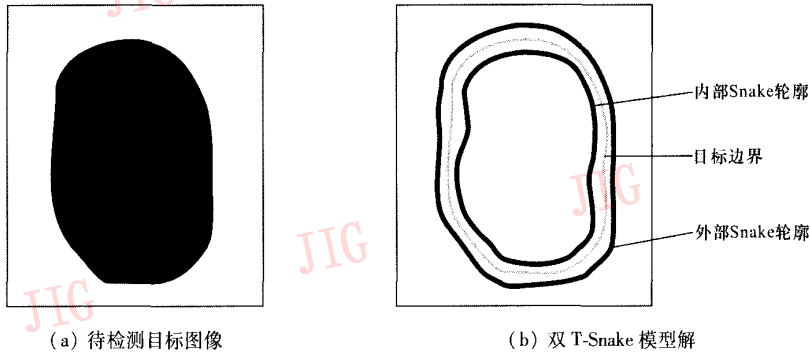


图 1 双 T-Snake 模型

Fig. 1 Dual-T-Snakes model

但是这并不是说已经分割出目标边界了, 因为此时一般内外 Snake 轮廓间的间隔仍然很大, 在目标边界有深度凹陷处尤其如此。这是由于双 T-Snake 模型本质上是一种局部优化的方法, 在目标边缘深度凹陷时, 它仍不能跳出局部优化的陷阱。

为此本文利用遗传算法的全局寻优能力, 在双 T-Snake 模型解所构成的较小搜索空间中, 寻找更精确的目标边界。这样既缩短了算法的搜索时间, 又使解得到了优化。

3 遗传算法及其实现

遗传算法^[8]是模拟生物在自然环境中的遗传和进化过程而形成的一种自适应全局优化的搜索算法, 即是一种宏观意义下的仿生算法, 由于它是通过模拟达尔文“优胜劣汰、适者生存”的原理来鼓励产生好的结构, 并通过模仿孟德尔遗传变异理论在迭代过程中保持已有的结构, 同时寻找更好的结构, 因此算法具有很好的全局优化性能和稳定性。

本文将遗传算法应用于双 T-Snake 模型解的优化, 其实现如下:

3.1 初始种群的构造

为缩小遗传算法的搜索范围, 初始种群的选取一般要依据先验知识, 但通常情况下, 双 T-Snake 算法运行结束后, 内外 Snake 轮廓的间距已非常小, 即

遗传算法的搜索空间已足够小, 其中任意一条初始 Snake 轮廓的能量已接近极小值, 为简化运算起见, 本文仅随机设定初始种群, 而不借助先验知识。构造初始种群分如下 3 个步骤:

(1) 计算由双 T-Snake 模型所得的内 (或外) Snake 轮廓的近似几何中心 O , 其方法如下: 做一与原图大小相同的二值图像, 对应于 Snake 轮廓内部像素点的灰度值取 1, 其余取为 0。几何中心坐标定义为 $O(\bar{x}, \bar{y})$, 其中

$$\bar{x} = \frac{\sum_{x=1}^m \sum_{y=1}^n xf(x,y)}{\sum_{x=1}^m \sum_{y=1}^n f(x,y)}$$

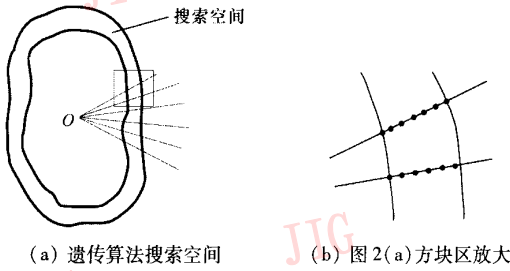
$$\bar{y} = \frac{\sum_{x=1}^m \sum_{y=1}^n yf(x,y)}{\sum_{x=1}^m \sum_{y=1}^n f(x,y)}$$

其中, $f(x,y)$ 为二值图像灰度函数, $m \times n$ 为图像大小。

(2) 从几何中心 O 向外按一定的角度间隔顺时针做射线一周 (图 2(a))。每条射线位于搜索空间中的部分为一线段, 在其上选择一定数量的像素 (如搜索空间带状区域的平均宽度所占的像素数), 如图 2(a)、图 2(b) 所示, 其中图 2(b) 为图 2(a) 中方框部分的放大示意。

(3) 在步骤 (2) 得到的每条线段上所取的像素中, 随机选取一个点, 所有点 (连成的曲线) 就构成一个染色体。

(4) 重复步骤 (3) K 次, 即得到由 K 个染色体 $X_i (i=1, \dots, K)$ 构成的初始种群, 其中每一染色体



(a) 遗传算法搜索空间 (b) 图 2(a) 方块区放大

图 2 初始种群的构造

Fig. 2 Constructing of the initial race

(Snake) 所含结点个数都相同。

3.2 目标函数和适应度函数

目标函数选用 Snake 能量函数 E_{Snake} , 优化目标是寻找适当的 Snake 曲线, 并使其能量最小。

$$E_{Snake} = \sum_{i=0}^{N-1} (\lambda E_{int}(v_{i-1}, v_i, v_{i+1}) + (1 - \lambda) E_{ext}(v_i)) \quad (8)$$

其中, $v_i (i=0, 1, \dots, N-1)$ 是 Snake 曲线上的全部离散点, 公式中 $v_N = v_0, v_{-1} = v_{N-1}$ 。 λ 为权重系数, $\lambda \in [0, 1]$, 其一般由目标边缘的光滑性和梯度大小确定, 试验中, 为简单起见, 取 $\lambda = 1/2$ 。 内部能量 E_{int} 取二阶差分的形式, 以保持 Snake 轮廓的弹性和光滑性; 外部能量 E_{ext} 取与图像梯度有关的函数, 以保证 Snake 曲线趋于目标边界, 即

$$E_{int}(v_{i-1}, v_i, v_{i+1}) = \left(\frac{v_{i-1} - 2v_i + v_{i+1}}{\|v_{i+1} - v_{i-1}\|} \right)^2$$

$$E_{ext} = -\|\nabla I(v_i)\|^2$$

适应度函数定义为

$$f = 1/E_{Snake} \quad (9)$$

3.3 选择方法

选择操作采用轮盘赌法, 并将其中最优的 5% 的个体保留到下一代。

3.4 染色体编码

每一条染色体由 Snake 曲线的离散点按顺序对其横坐标 x_i 和纵坐标 y_i 进行实数编码, 如 $X_i = (x_0 y_0 x_1 y_1 \dots x_{N-1} y_{N-1})$ 。

3.5 遗传算子的构造

(1) 交叉算子

按交叉概率 p_c 进行算术交叉。假设在两个个体 $X_i^{(t)}, X_j^{(t)}$ 之间进行算术交叉, 则交叉运算后所产生的两个新个体是

$$\begin{cases} X_i^{(t+1)} = wX_j^{(t)} + (1-w)X_i^{(t)} \\ X_j^{(t+1)} = wX_i^{(t)} + (1-w)X_j^{(t)} \end{cases} \quad (10)$$

其中, w 为取定的常数。

(2) 变异算子

按变异概率 p_m 选取变异染色体, 即先在其上随机选取一变异点, 然后将其变异为其法线方向上与之相邻的一点 (如图 2(b) 所示)。

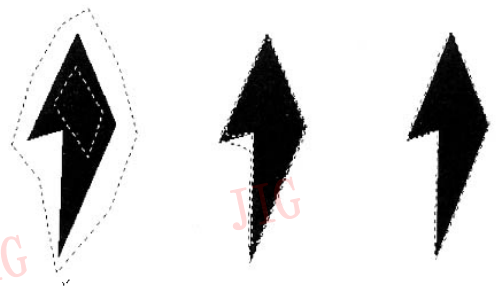
3.6 终止准则

遗传运算达到一定的代数 \hat{T} 后终止。

一般情况下, 遗传参数设定为: 种群数 $M = 50 \sim 100$, 交叉概率 $p_c = 0.4 \sim 0.9$, 变异概率 $p_m = 0.0001 \sim 0.01$, 终止代数 $\hat{T} = 50 \sim 500$ 。

4 实验结果

为验证本文算法的效果, 应用上述基于遗传算法的双 T-Snake 模型对图像进行了分割实验, 所得结果如图 3、图 4 所示, 其中图 3 是合成图像, 图形凹凸变化强烈, 边缘极不光滑。该分割实验取双 T-Snake 模型的参数为弹性力系数 $a_i = 1.1$, 初始长度 $l_i = 0$, 刚性力系数 $b_i = 1.8$, 法向力系数 $k_i = 2$, 图像梯度系数 $\gamma_i = 3.5$, 灰度梯度阈值 $T = 2$ 。取遗传参数为: 初始种群数 $M = 50$, 交叉概率 $p_c = 0.4$, 变异概率 $p_m = 0.01$, 算术交叉中, $w = 1/3$, 遗传代数 50。图 3(a) 为原始图像 (合成图像), 图 3(b) 为双 T-Snake 模型分割结果, 图 3(c) 为基于遗传算法的双 T-Snake 模型分割结果。由图 3 可见, 与传统 Snake 模型相比, 双 T-Snake 模型更好地克服了噪音的干扰, 但在图像深度凹陷处, 仍不能得到令人满意的结果, 而遗传算法则较好地弥补了其不足。



(a) 原始图像及初始 Snake 轮廓 (b) 双 T-Snake 模型分割结果 (c) 基于遗传算法的双 T-Snake 模型分割结果

图 3 合成图像的分割

Fig. 3 Synthetic picture segmentation

图 4 是左心室核磁共振图像 (magnetic resonance image, MRI)。应用本文的算法对其进行了分割实验, 其参数设置如下: 双 T-Snake 模型的参

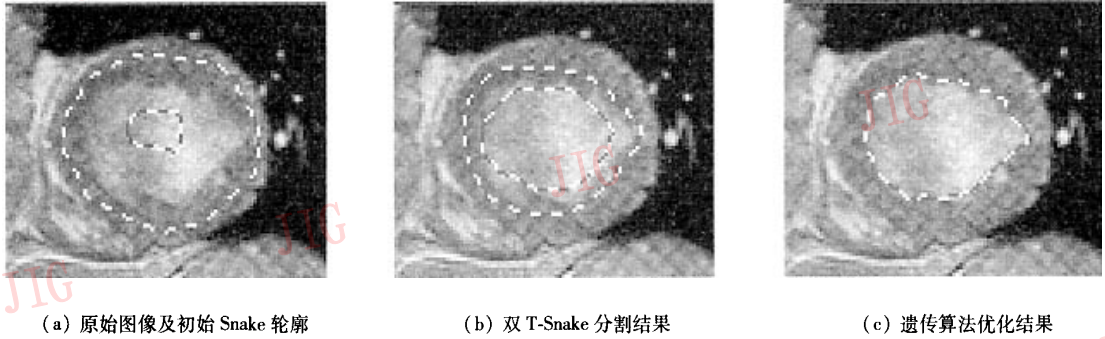


图 4 心脏 MRI 图像的分割

Fig. 4 MRI segmentation

数为弹性力系数 $a_i = 1$, 初始长度 $l_i = 0$, 刚性力系数 $b_i = 1$, 法向力系数 $k_i = 2.2$, 图像梯度系数 $\gamma_i = 2.9$, 灰度梯度阈值 $T = 1.8$, 遗传算法遗传代数等于 100, 其他参数同图 3。由图 4 可见, 基于遗传算法的双 T-Snake 模型较好地分割出了左心室内心肌边界。该算法已在 P IV 2.0G 微机上用 Matlab 实现, 双 T-Snake 模型分割耗时 0.813 s, 遗传算法优化耗时 1.063 s, 合计耗时 1.876 s。由此可见, 本文算法因遗传算法的搜索空间较小而收敛较快, 可基本满足实时应用需要。

5 结论与展望

本文在对双 T-Snake 模型进行分析的基础上, 给出了遗传算法在 Snake 能量极小化中的实现, 同时提出了基于遗传算法的双 T-Snake 模型, 并将其应用于 MRI 图像的分割。实验结果表明, 该方法是有用的。由于遗传算法不需要使用目标边界的导数(梯度)等高阶信息, 从而给计算机处理带来了极大的方便, 不仅其全局优化性能能很好地克服图像噪声对应用 Snake 进行图像分割的干扰, 同时用遗传算法提取的边缘也不强求目标边缘的光滑性, 这对于目标边界粗糙、凹凸不平的图像分割来说, 具有很好的应用前景, 但遗传算法对目标函数、适应度函数定义要求较高, 如何构造与 Snake 能量函数相关的目标函数, 并由此定义适应度函数, 以及遗传算子的

构造也还有待进一步的研究。

参考文献 (Reference)

- 1 Kass M, Witkin A, Terzopoulos D. Snakes: Active contour models [A]. In: Proceedings of the First International Conference on Computer Vision [C], London, 1987; 259 ~ 269.
- 2 Leroy B, Herlin I, Cohen L D. Finite-element methods for active contour models [A]. In: 12th International Conference Analysis and Optimization of Systems [C], Paris, France, 1996; 58 ~ 65.
- 3 Xu G, Segawa E, Tsuji S. Robust active contours with insensitive parameters [J]. Pattern Recognition, 1994, 27(7): 879 ~ 884.
- 4 Cohen L D, Cohen I. Finite element methods for active contour models and balloons for 2-D and 3-D Images [J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1993, 15(11): 1131 ~ 1147.
- 5 McInerney T, Terzopoulos D. Topology adaptive deformable surfaces for medical image volume segmentation [J]. IEEE Transactions on Medical Image, 1999, 18(10): 840 ~ 850.
- 6 McInerney T J. Topologically adaptable deformable models for medical image analysis [D]. Department of Computer Science, University of Toronto, Canada, 1997.
- 7 Giraldo Gilson A, Strauss Edilberto, Oliveira Antonio A. A boundary extraction method based on dual-T-Snakes and dynamic programming [A]. In: IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR 2000) [C], Hilton Head, South Carolina, USA, 2000, 1: 1044 ~ 1049.
- 8 Zhou Ming, Sun Shu-dong. Principles and applications of genetic algorithms [M]. Beijing: Publishing House of National Defence Industry, 1999; 5 ~ 35. [周明, 孙树栋. 遗传算原理及应用 [M]. 北京: 国防工业出版社, 1999; 5 ~ 35.]