

一种基于链码的三维心血管图像匹配算法

余霞 辜嘉 舒华忠

(东南大学生物医学工程系, 南京 210096)

摘要 为了快速准确地进行三维心血管图像匹配,以帮助医生更加准确地进行心血管疾病的治疗,提出一种基于链码理论的三维心血管图像血管中轴线的匹配方法,即首先将二维的 Freeman 编码拓展至三维空间,然后将其用于对已获取的三维心血管进行编码,以便于实现对不同时刻的三维心血管图像血管中轴线的匹配。另外,还对模式识别中链码的串匹配算法作了一个简要介绍,并讨论了其中的编码、代价函数、归一化的链间距离等难点。为了验证该算法的效果,还选择了两种构造替换代价函数的方法对三维心血管进行了实验,并利用标准公式对实验结果进行了评估。实验结果表明,利用两种代价函数都可以实现图像的匹配,但是匹配的程度有较大差异,其中利用第2种代价函数可以得到更加令人满意的匹配结果。

关键词 链码 串匹配 代价函数 归一化的链间距离

中图法分类号: TP391.41 R445-39 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(2004)07-0781-06

An Algorithm for the Registration of 3D Coronarographic Image by Means of String Matching

YU Xia, GU Jia, SHU Hua-zhong

(Department of Biomedical Engineering, Southeast University, Nanjing 210096)

Abstract A new approach aimed at the registration of three-dimensional (3-D) coronarographic images is reported. The matching of 3-D vessel central lines is performed using attributed string matching techniques. Firstly, we extend the 2-D Freeman chain code to 3-D space. We then give a brief description of string matching techniques, with a special emphasis on image analysis. Some key elements involved in the algorithm such as chain encoding, cost function, normalized edit distance are proposed and discussed. In this paper, two types of substitution cost functions are introduced and used in string matching algorithm. Their performances are compared on experimental data obtained and further evaluate the results by means of subjective and objective criteria. The experimental results show that the use of the second substitution cost function can yield better matching results.

Keywords chain code, string matching, cost function, normalized edit distance

1 引言

在诊断和治疗心血管疾病的临床实践中,借助计算机对不同时刻的二维心血管造影图对进行三维重建处理,由于可以为医生提供一个在任意角度观察血管的三维结构,进而可帮助医生定量分析病变情况、病变区域空间位置及其与相邻组织关系的可能,从而可帮助诊断和治疗。但是由于在心血管图像三维重建的过程中,难免会有部分信息被丢失或者得到的是冗余信息,因此重建出的图像还不能完整

地表征血管的结构。这就要求对重建出的不同时刻的三维心血管图像进行匹配,以便通过图像信息的融合来得到较完整的血管结构。此外,由于心血管始终处于运动状态,因此在治疗过程中医生需要了解心血管的运动过程,而通过匹配不同时刻的三维心血管图像,就可以实现对心血管运动轨迹的观察和分析。

本文旨在介绍一种基于链码的串匹配方法,用于对不同时刻的三维心血管图像的中轴线进行匹配,即首先借助已经获取的一个心动周期内的若干幅心血管图像,然后采用串匹配算法,通过对相邻时

刻的血管图像进行匹配来得到一系列连续的“迹”，这些“迹”所表示的就是血管中轴线从一个时刻运动到下一个时刻时，在图像中所对应的位置。这样就可以通过对“迹”的研究来分析和了解血管的运动过程。

2 算 法

2.1 三维 Freeman 链码

链码匹配算法首先被用于文本比较，由于其在链状结构描述上具有很大的优越性，因此它被广泛应用于模式识别等领域^[1]，但是一直以来，链码理论的应用仅局限于二维图像。为了将其推广到三维图像，本文对 Freeman 链码进行了修改，即把二维的 8 个方向拓展到三维的 26 个方向，并将其用于不同时

刻的三维血管中轴线的匹配。图 1 和图 2 分别是二维和三维 Freeman 链码的编码方向。在对二维曲线进行 Freeman 编码时，由于该链码沿着数字曲线，以 8 邻接的方式移动，且每个移动方向由符号集 $\{a \sim h\}$ 进行编码，因此得到的链码值由 $a \sim h$ 组成(见图 1)。

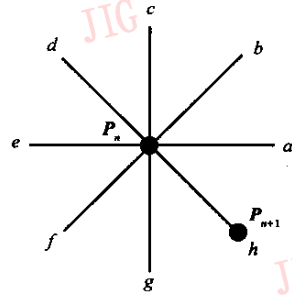
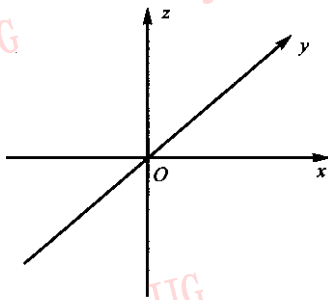
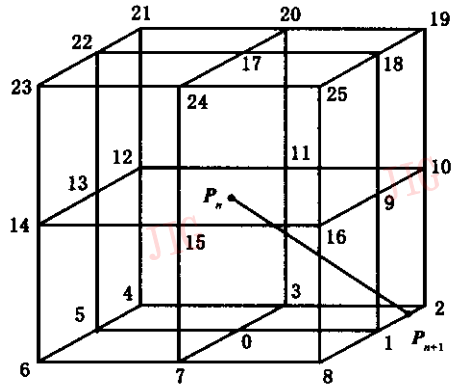


图 1 二维 Freeman 链码(a~h 代表 8 个方向)



(a) 三维坐标系



(b) 三维 Freeman 链码(0~25 代表 26 个方向)

图 2 三维 Freeman 链码

对于三维曲线，由于其空间的复杂性，因此三维 Freeman 链码的定义也相对复杂，而且对三维坐标系(图 2(a))中的 x - y 平面和 x - z 平面进行 Freeman 编码时，将会各得到 8 个链码值。假设沿着曲线从点 P_n 移动到相邻的下一个点 P_{n+1} 时(见图 2(b))， $\overrightarrow{P_n P_{n+1}}$ 在 x - y 平面上的投影有一个链码值，且在 x - z 平面上的投影也有一个链码值，若将这两个链码值结合到一起进行编码，就构成了三维空间的 Freeman 链码值，则由此得到的三维 Freeman 链码共有 26 个值，其由 0~25 组成。

下面首先介绍一下由 Wagner 和 Fischer 引入的串匹配算法的基本概念^[2]。众所周知，串匹配算法一般涉及的是实体的比较，这里的实体可以是序列、矢量或符号串。由于不同实体的比较方法基本上都类似，因此可用以下符号串的比较来描述串匹配算法：假设在一个给定的符号集上有两个符号串 $S_n^{(l_n)}$

和 $S_p^{(l_p)}$ ，分别表示符号集中的第 n 个和第 p 个符号串，其中 $s_n^{(i)}$ 表示 $S_n^{(l_n)}$ 上的第 i 个元素， $l_n = |S_n^{(l_n)}|$ 表示符号串 $S_n^{(l_n)}$ 的长度(元素数)； $s_p^{(j)}$ 表示 $S_p^{(l_p)}$ 上的第 j 个元素， $l_p = |S_p^{(l_p)}|$ 表示 $S_p^{(l_p)}$ 的长度。本文定义 $S_n^{(l_n)}$ 和 $S_p^{(l_p)}$ 之间的链间距离是指从 $S_n^{(l_n)}$ 转换为 $S_p^{(l_p)}$ 所需的操作数之和的最小值，也就是指序列 $O_q = o_1 o_2 \dots o_m$ 的长度取到最小值，其中 O_q 包含了将 $S_n^{(l_n)}$ 转换为 $S_p^{(l_p)}$ 的每一个操作，其允许的基本操作包含且仅包含下面 3 类：

- (1) 插入一个元素到指定位置，用 $(\epsilon, s_p^{(j)})$ 表示，其中， ϵ 表示空字符；
- (2) 删除符号串中指定位置的元素，用 $(s_n^{(i)}, \epsilon)$ 表示；
- (3) 替换符号串中指定位置的元素，用 $(s_n^{(i)}, s_p^{(j)})$ 表示，其中 $s_n^{(i)} \neq s_p^{(j)}$ 。

相应地,每一个 o_k 根据上面的约定被分配了一个值,可称之为代价函数 $\gamma(o_k)$,而序列 O_q 的代价函数为

$$\Gamma_{S_n^{(q)}, S_p^{(q)}}(O_q) = \sum_{k=1}^m \gamma(o_k) \quad (1)$$

其链间距离和代价函数之间的关系可以用下式表示:

$$\delta(S_n^{(q)}, S_p^{(q)}) = \{ \min_q (\Gamma_{S_n^{(q)}, S_p^{(q)}}(O_q)) \} \quad (2)$$

由此可以得到下面的递归关系:

$$\begin{aligned} \delta(s_n^{(i)}, s_p^{(j)}) = \min \{ & (\delta(s_n^{(i-1)}, s_p^{(j-1)}) + \gamma(s_n^{(i)}, s_p^{(j)})), \\ & (\delta(s_n^{(i-1)}, s_p^{(j)}) + \gamma(s_n^{(i)}, \epsilon)), \\ & (\delta(s_n^{(i)}, s_p^{(j-1)}) + \gamma(\epsilon, s_p^{(j)})) \} \end{aligned} \quad (3)$$

其中, $|\epsilon| = 0$.

这是一个极小化问题,本文应用 Wagner 和 Fisher 算法来求解。为了简化问题,可用“迹”来描述。曲线 $S_n^{(q)}$ 和 $S_p^{(q)}$ 之间的“迹” T 是由一个有序的整数对 (i, j) 组成,其中 (i, j) 满足

- (1) $1 \leq i \leq l_n$, 且 $1 \leq j \leq l_p$;
- (2) 对于 T 中的任意两个整数对 (i_1, j_1) 和 (i_2, j_2) , 满足: ① $i_1 \neq i_2$ 且 $j_1 \neq j_2$; ② $i_1 < i_2 \Leftrightarrow j_1 < j_2$ 。

设 I 和 J 分别是 $S_n^{(q)}$ 和 $S_p^{(q)}$ 中不包含在 T 中的符号的子集,则可将 T 的代价函数定义为:

$$\text{Cost}(T) = \sum_{(i,j) \in T} \gamma(s_n^{(i)} \rightarrow s_p^{(j)}) + \sum_{i \in I} \gamma(s_n^{(i)} \rightarrow \epsilon) + \sum_{j \in J} \gamma(\epsilon \rightarrow s_p^{(j)}) \quad (4)$$

其中,等式右边的 3 项分别表示替换、插入和删除的代价, $s_n^{(i)}$ 和 $s_p^{(j)}$ 分别表示字符串 $S_n^{(q)}$ 和 $S_p^{(q)}$ 中的第 i 和 j 个符号,也就是说, $S_n^{(q)}$ 和 $S_p^{(q)}$ 之间的链间距离就等于 T 的最小代价函数,而 $(T, S_n^{(q)}, S_p^{(q)})$ 之间的关系可用最长相似子序列(LCS-longest common sequence)来描述,其中 LCS 是由“迹”中的整数对 (i, j) 表示的。

2.2 代价函数的构造

通过 Freeman 编码,每一条数字曲线都将由一个符号序列构成。假设有一条数字曲线 $V_{n+1}^{(q)} = (v_{n+1}^{(1)}, v_{n+1}^{(2)}, \dots, v_{n+1}^{(i)}, \dots, v_{n+1}^{(q)})$,通过 Freeman 编码,将会得到一个符号序列 $S_n^{(q)}$,而序列中任意一个符号 $s_n^{(i)}$ 所包含的字符 $a_n^{(i)}$ 表示曲线上从点 $v_n^{(i)}$ 到 $v_n^{(i+1)}$ 的 Freeman 编码值。下面两点描述的是曲线间的结构和特征:

- (1) 点 $v_n^{(i)}$ 的所在位置,它在图像上由坐标 $(x_n^{(i)}, y_n^{(i)}, z_n^{(i)})$ 表示。

(2) $t_n^{(i)} = \frac{v_n^{(i+1)} - v_n^{(i-1)}}{|v_n^{(i+1)} - v_n^{(i-1)}|}$ 表示曲线上点 $(x_n^{(i)}, y_n^{(i)}, z_n^{(i)})$ 的切线。

由此可以得出序列中的每个符号 $s_n^{(i)}$ 都由一组特征值 $(a_n^{(i)}, v_n^{(i)}, t_n^{(i)})$ 表示,因此 $S_n^{(q)}$ 和 $S_p^{(q)}$ 可以分别由下面两个序列表示: $S_n^{(q)} = (s_n^{(1)}, s_n^{(2)}, \dots, s_n^{(i)}, \dots, s_n^{(q)})$ 和 $S_p^{(q)} = (s_p^{(1)}, s_p^{(2)}, \dots, s_p^{(j)}, \dots, s_p^{(q)})$ 。

大家知道,由于代价函数构造得好坏决定了曲线匹配的程度,因此,构造一个好的代价函数是实现曲线最大程度匹配的关键。本文构造了如下的代价函数:

- (1) 插入: $\gamma(\epsilon \rightarrow s_p^{(j)}) = 1$;
- (2) 删除: $\gamma(s_n^{(i)} \rightarrow \epsilon) = 1$;
- (3) 替换: 本文构造了以下两种不同的替换代价函数。由于这里所描述的替换代价函数是基于符号对 $(s_n^{(i)}, s_p^{(j)})$ 的,因此可用 f_k 来表示代价函数,即 $f_k(s_n^{(i)}, s_p^{(j)}) = \gamma(s_n^{(i)}, s_p^{(j)})$ 。

1) f_0 是根据 $a_n^{(i)}$ 和 $a_p^{(j)}$ 之间等价与否来定义的

$$f_0(s_n^{(i)}, s_p^{(j)}) = \begin{cases} 0 & \text{如果 } a_n^{(i)} = a_p^{(j)} \\ 2 & \text{其他} \end{cases} \quad (5)$$

由式(5)可以看出,只有在待匹配的两条曲线的 Freeman 值相同时才能实现匹配。

2) f_1 是由两条待匹配曲线上点 $v_n^{(i)}$ 和 $v_n^{(i+1)}$ 的切线间的角度关系定义的。由于空间内的两条切线可能不共面,因此不能简单地用切线间的夹角来表示切线之间的平行程度。据研究,空间两条曲线之间的角度关系由以下两部分决定: ① 将两条曲线旋转到同一个平面所需的旋转角度; ② 旋转到同一平面后的两条曲线之间的夹角。图 3 描述了两条切线间的角度关系,图中 D_1, D_2 表示两条待匹配曲线上的点 $v_n^{(i)}$ 和 $v_n^{(i+1)}$,由于曲线上各点之间的距离很小,因此可近似地用与该点相邻的前后两点来描述切线。设 P_1, N_1 和 P_2, N_2 分别是与 D_1, D_2 相邻的前后两

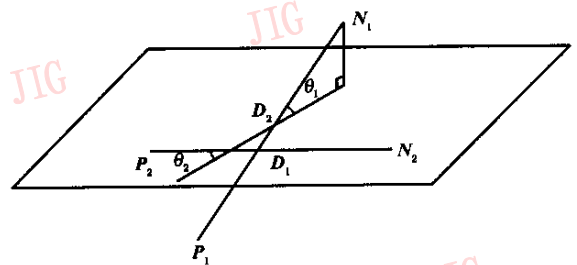


图 3 代价函数 f_1 的几何含义

点,则点 D_1, D_2 处的切线可分别表示为 $\overrightarrow{P_1N_1}$ 和 $\overrightarrow{P_2N_2}$,且可近似地认为 D_1, D_2 在 $\overrightarrow{P_1N_1}$ 和 $\overrightarrow{P_2N_2}$ 上。构造代价函数时,首先将 $\overrightarrow{P_1N_1}$ 旋转到与 $\overrightarrow{P_2N_2}$ 共面,这里所选定的平面是由 $\overrightarrow{P_2N_2}$ 和 $\overrightarrow{D_1D_2}$ 构成的,因为 P_2, N_2 和 D_2 共线,所以可用 P_2, N_2 和 D_1 来确定所选的平面,这里旋转角度用 θ_1 表示;旋转到同一平面之后的两条切线之间的夹角用 θ_2 表示,于是 f_1 被定义为

$$f_1(s_n^{(i)}, s_p^{(j)}) = \beta \sin \theta_1 + (1 - \beta) \sin \theta_2 \quad (6)$$

其中 β 是权重。由式(6)容易看出,当两条切线平行时, f_1 取到最小值 0。

2.3 归一化的链间距离

上面提出了链间距离的概念,由于它的值与曲线的长短有着以下直接的关系:如果待匹配的曲线较长,则得到的链间距离就会较长,反之亦然,因此不能简单地用链间距离的长短来衡量匹配的好坏。本文使用归一化的链间距离这一标准来衡量匹配的效果。归一化的链间距离是根据被比较的两条曲线的长度对所得到的链间距离的值进行加权后得到的。Marzal 和 Vidal 提出利用链间的变换路径长度来归一化链间距离^[3],他们将归一化的链间距离定义为 $W(E)/L(E)$ 的最小值,其中, E 是指从 $S_n^{(i)}$ 到 $S_p^{(j)}$ 的变换路径, $W(E)$ 是指路径长度,也就是在这个路径中所有的基本变换操作的代价函数的和, $L(E)$ 指路径长度,也就是在这个路径中所有变换操作的个数,因此

$$\delta(S_n^{(i)}, S_p^{(j)}) = \min_E \left(\frac{W(E)}{L(E)} \right)$$

Oommen 等人在此基础上将归一化的链间距离扩展到了一般情况,他们将其定义为串内的限制性链间距离(CED-constrained edit distance)^[4],这里的限制条件是根据删除、插入和替换操作来描述的。实验中使用到的归一化链间距离,用 δ_{normal} 表示,是 CED 的一个特例,其由下面的式子给出:

$$\delta_{\text{normal}}(S_n^{(i)}, S_p^{(j)}) = \min_t \left[\frac{M(t, l_n, l_p)}{l_n + l_p - t} \right] \quad (7)$$

其中, t 等于替换操作的个数, l_n 和 l_p 分别是字符串 $S_n^{(i)}$ 和 $S_p^{(j)}$ 的长度(点数), $M(\cdot)$ 是指变换矩阵。

2.4 评估参数

在二维图像的匹配中,为了定量评估匹配算法的好坏, Toumoulin 给出了一系列的定量评估的标准^[5]。为了评估三维图像匹配算法的好坏,本文对这些标准进行了一定的修改:

(1)连接两个对应点的直线段(“迹”)应该尽可能地平行。

(2)“迹”不应该与其他直线段相交。

(3)“迹”的密度分布应该足够均匀,以便能够更好地描述血管的结构。

(4)两条待匹配曲线之间的最大距离应该小于血管的最大直径。

这些标准可以定量表示为如下指标。

2.4.1 局部指标

(1)“迹”长度(直径)的浮动变化率 $c_{n,p}^{(1)}$,这个指标反映了两条曲线的平行程度:

$$c_{n,p}^{(1)}(s_n^{(i)}, s_p^{(j)}) = \left| \frac{|v_n^{(i)} - v_p^{(j)}| - \bar{d}_{n,p}}{\bar{d}_{n,p}} \right| \quad (8)$$

其中, $\bar{d}_{n,p} = \frac{1}{l_{n,p}} \sum_{(i,j) \in T} |v_n^{(i)} - v_p^{(j)}|$ 为“迹”长度的平均值, $l_{n,p}$ 表示匹配点的个数,其下标的 n, p 指的是 $S_n^{(i)}$ 和 $S_p^{(j)}$ 中的 n 和 p 。

(2)切线之间的空间角度变化率 $c_{n,p}^{(2)}$,这个指标也反映了两条曲线的平行程度。由于代价函数 f_1 描述的就是切线间的空间角度关系,所以可直接用式(6) f_1 来定义这个角度变化率

$$c_{n,p}^{(2)}(s_n^{(i)}, s_p^{(j)}) = \beta \sin \theta_1 + (1 - \beta) \sin \theta_2 \quad (9)$$

本文将 β 设为 0.5。

2.4.2 全局指标

(1)全局一致性系数

$$C_{n,p}^{(r)} = \frac{1}{l_{n,p}} \sum_{(i,j) \in T} c_{n,p}^{(r)}(s_n^{(i)}, s_p^{(j)}) + k \quad (10)$$

其中, $l_{n,p}$ 为匹配点的个数, k 是惩罚因子, $r \in \{1, 2\}$ 。当 $r=1$ 时, $C_{n,p}^{(r)}$ 表示的是“迹”长度的浮动变化率的全局一致性系数,当 $r=2$ 时, $C_{n,p}^{(r)}$ 表示的是切线之间的空间角度变化率的全局一致性系数。由于 f_0 对匹配的要求非常严格,且它只对完全等价的点对进行匹配,这就使得利用 f_0 得到的局部指标很可能较 f_1 理想,因此仅仅考虑匹配的点对之间的关系很有可能就无法体现出匹配方法的好坏。为此本文引入一个惩罚因子 k 来对没有匹配的点对给予一定程度的惩罚,这样就可以更客观地评价匹配的好坏。

(2)“迹”的密度

$$C_{\text{density}} = \frac{2l_{n,p}}{l_n + l_p} \quad (11)$$

(3)归一化的链间距离,用 δ_{normal} 表示:

$$\delta_{\text{normal}}(S_n^{(i)}, S_p^{(j)}) = \left[\frac{M(t_{\min}, i_{\text{last}}, j_{\text{last}}) - M(t_{\min}, i_1, j_1)}{\hat{l}_n + \hat{l}_p - t_{\min}} \right] \quad (12)$$

其中, $t_{\min} = \min_t \left[\frac{M(t, l_n, l_p)}{l_n + l_p - t} \right]$, \hat{l}_n 和 \hat{l}_p 分别表示符号

串 $S_n^{(l_n)}$ 和 $S_p^{(l_p)}$ 上匹配点的个数, (i_1, j_1) 和 (i_{last}, j_{last}) 分别表示“迹”中的第 1 对点和最后一对点。

3 实验结果及数据分析

根据 1.2 节中构造代价函数的两种方法,即可分别对不同时刻的三维心血管的中轴线进行匹配。实验中是对相邻两幅心血管图像中相对应的血管分支进行匹配。通过分析,实验中选择了几种较为典型的血管(见图 4,图 5)对作为样本。图 4、图 5 中, V_1 ,

V_2 表示待匹配的血管, T 表示“迹”。

本文利用 Wagner-Fisher 算法和两种不同的代价函数得到了一系列的匹配结果(见图(4)和图(5)),图中的“迹”表示了心血管中轴线从一个时刻运动到下一个时刻时在图像中所对应的位置。本文还对所得到的匹配结果,用直径浮动性的全局一致性系数 $C_{n,p}^{(1)}$ 、曲线间的空间角度差的全局一致性系数 $C_{n,p}^{(2)}$ 、平均密度 $C_{density}$ 、归一化的链间距离 $\delta_{normal}(S_n^{(l_n)}, S_p^{(l_p)})$ 4 项指标进行评估,结果列在表 1。

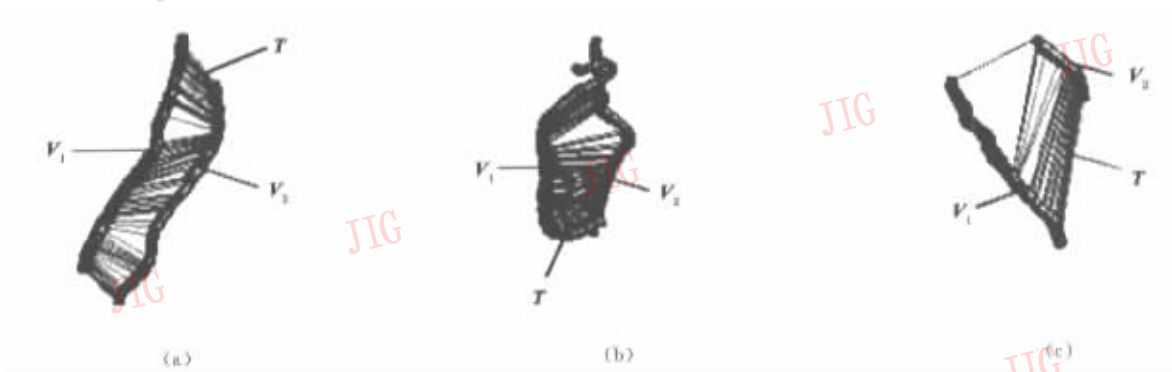


图 4 选择 f_0 作为替代代价函数时对 3 种不同类型的曲线进行匹配得到的实验结果



图 5 选择 f_1 作为替代代价函数时对 3 种不同类型的曲线进行匹配得到的实验结果

表 1 “迹” $T(S_n^{(l_n)}, S_p^{(l_p)})$ 的定量评估

方法	评价指标			
	直径的浮动性 (全局一致性系数) $C_{n,p}^{(1)}$	曲线间的空间角度差 (全局一致性) $C_{n,p}^{(2)}$	平均密度 $C_{density}$	归一化的链间距离 $\delta_{normal}(S_n^{(l_n)}, S_p^{(l_p)})$
方法 1 f_0 (图 4(a))	0.3406	0.4404	0.6431	0.5322
方法 2 f_1 (图 5(a))	0.1903	0.1661	0.9579	0.3108
方法 1 f_0 (图 4(b))	0.3292	0.5837	0.5496	0.6277
方法 2 f_1 (图 5(b))	0.2625	0.3123	0.9032	0.5083
方法 1 f_0 (图 4(c))	0.1883	0.6011	0.4430	0.7281
方法 2 f_1 (图 5(c))	0.0124	0.3919	0.9899	0.1367

由实验结果可以看出,利用两种方法构造的代价函数虽都可以实现匹配,但是匹配的程度和效果却有很大差别。由表1的评估参数可以看出,方法1(代价函数为 f_0 ,实验结果见图4)所得到的各项指标的结果不是很理想,而用方法2(代价函数为 f_1 ,实验结果见图5)所得到的各项指标都较理想。通过综合评价以上两种方法可见,由方法2得到的指标显示出了较好的性质,而这也与本文的匹配结果一致。

4 结 论

本文提出并实现了基于链码理论的三维心血管的中轴线匹配。本文通过将二维的链码理论拓展到三维领域,即首先对已获取的三维血管的中轴线进行编码,进而建立相应的对应关系,最后实现了匹配。本文还介绍了两种构造替换代价函数的方法,用来进行三维心血管匹配,并通过实验结果分析了两种方法的优缺点。结果表明,方法2能够给出较好的匹配结果。今后的工作将把方法2和心血管的拓扑的树状结构结合起来对不同时刻的三维中轴线进行对应,进而实现心血管的整体匹配,以实现最终对心血管运动的观察与分析。

参 考 文 献

- 1 Herault L, Horaud R. Figure-ground discrimination: a combinatorial optimization approach[J]. IEEE Transactions on Pattern Artificial and Machine Intelligence, 1993, 15(9): 899~914.
- 2 Wagner R A, Fischer M J. The string to string correction problem[J]. Journal ACM, 1974, 21: 168~173.

- 3 Vidal Mazal E. Computation of normalization edit distance and applications[J]. IEEE Transactions on Pattern Artificial and Machine Intelligence, 1993, 15(9): 926~932.
- 4 Oommen B J, Zhang K. The normalized string editing problem revisited[J]. IEEE Transactions on Pattern Artificial and Machine Intelligence, 1996, 18(6): 669~672.
- 5 Toumoulin Christine, Breiva Jorge, Bellanger Jean-Jacques, et al. String matching techniques for high level primitive formation in 2-D vascular imaging[J]. IEEE Transactions on Information Technology In Biomedicine, 2003, 7(4): 291~301.



余霞 1979年生,2001年获东南大学生物科学与医学工程学士学位。现于该系攻读硕士学位,研究方向为图像分析。
E-mail:evon_yu@seu.edu.cn



辜嘉 1981年生,2001年获东南大学生物科学与医学工程系硕士学位。现为中法联合培养博士,研究方向为图像分析。



舒华忠 1965年生,现为东南大学生物科学与医学工程系教授,博士生导师。1992年获法国雷恩大学数学专业博士学位,1995年起在东南大学生物医学与医学影像实验室从事科研与教学工作。研究领域包括医学图像处理、模式识别和放射治疗计划优化等。