

# 一种基于图象内部信息的轮廓匹配和切片对齐新方法

洪泉<sup>1)</sup> 陈德强<sup>2)</sup> 黄文浩<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup> 中国科学技术大学少年班, 合肥 230026) <sup>2)</sup> 中国科学技术大学精密机械与精密仪器系, 合肥 230026)

**摘要** 针对在进行平行系列医学图象三维重建的过程中遇到的两个常见问题——轮廓匹配和切片的对齐问题, 提出了一种基于图象内部各个轮廓间相对位置信息的新算法, 即利用生物体在系列切面层上的重心位置具有连续性这一规律, 在相邻两切片层内寻找轮廓之间的匹配关系, 在对齐时, 该算法可根据图象的内部信息, 首先一次性将切片图移动到理想对齐位置的附近, 然后在其周围寻找使相邻层各匹配轮廓平均距离最小的理想对齐位置. 同时, 设计了一种一般性的方法, 对算法进行了检验, 结果证明, 该方法具有很高的准确性和实用性.

**关键词** 三维重建 轮廓匹配 切片对齐

中图法分类号: TP391.41 R445.39 文献标识码: A 文章编号: 1006-8961(2001)02-0152-07

## A New Method for Contour Correspondence and Slice Registration Based on the Internal Information of Images

HONG Quan<sup>1)</sup>, CHEN De-qiang<sup>2)</sup>, HUANG Wen-hao<sup>2)</sup>

<sup>1)</sup> Special Class for Gifted Young, USTC Hefei 230026)

<sup>2)</sup> Department of Precision Machinery & Precision Instrumentation, USTC Hefei 230026)

**Abstract** In 3-dimensional reconstruction from paralleled serial medical images, the two problems of contour correspondence and slice registration are often encountered. In the new method proposed in this paper, every contour in a slice is designated a value that represents its size and density, then the overall "Centroid" of the slice is found. For each contour, its corresponding contour on the adjacent slice is determined based on their designated value and their polar coordinate to the slice centroid. Some measures are taken to diminish computation complexity at a large scale. For the aim of slice registration, adjacent slices are first aligned roughly according to their centroid, furthermore, the optimal registration position nearby which minimizes the efficacy function which reflects the matching suitability at a given position. A witty method is designed to simulate the distribution of contours on adjacent slices. After testing the algorithms on the simulated case many times, we find that they are highly accurate and effective. Several optimal parameters are also given by experiment.

**Keywords** 3-dimensional reconstruction, Contour correspondence, Slice registration

## 0 引言

近年来, 对平行的系列医学切片图象(如透射电子显微镜 TEM 照片, 光学显微照片等)进行三维重建的技术进行了深入的研究, 并获得了很大的发展, 因为重建后立体显示的物体影象有助于对生物体组

织和结构的了解和研究, 也有助于医学的诊断和远程医疗技术的发展. 一般认为, 计算机辅助的三维自动重建技术主要包括如下问题: (1) 将系列切片图中感兴趣的区域轮廓提取出来; (2) 切片对齐, 即将相邻层间的相对位置进行调整, 以纠正切片制备和拍摄过程中对切片位置造成的位移和偏转; (3) 寻找相邻层间各轮廓的匹配关系, 即确定那些轮廓是同属

一个生物组织的 (4) 利用这些匹配关系, 从系列切片上的轮廓来重建感兴趣的生物组织表面 (5) 将重建后的物体以立体的效果显示出来。

大家知道, 提取图象中的轮廓信息主要是通过计算各象素点处的灰度值“梯度”, 即梯度值大的地方通常是轮廓所在的位置, 在此思想上发展了一系列模板算子<sup>[1]</sup>, Zuniga 等人设计的基于方向偏导积分的模板效果更好<sup>[2]</sup>。在轮廓匹配方面, Montgomery 等人提出的方法<sup>[3~5]</sup>是将轮廓中心向相邻层作投影, 若相邻层上某轮廓中心落在距投影点一定阈值范围内, 即认为此两轮廓有匹配关系, 但考虑到切片制备和拍摄过程中可能造成切片相对位置出现偏移, 而这种方法只孤立地依靠轮廓所在局部的位置进行匹配, 很可能产生较大的误差, 因此, 该方法只能达到局部最优, 而非全局最优。另外, 由于各轮廓尺度大小不同, 上述阈值并不是单一的, 因而不好确定。本文提出的一种新方法则是基于切片图的内部信息(各轮廓之间相互位置的信息), 即利用生物体在系列切面层上的重心位置具有连续性这一规律, 在相邻两切片层内寻找轮廓之间的匹配关系。该方法具有全局最优的特点, 而且在对齐时, 本文的算法可根据图象的内部信息, 首先一次性将切片图移动到理想对齐位置的附近, 然后在其周围寻找使相邻层各匹配轮廓平均距离最小的理想对齐位置。实践证明, 该方法简便而准确。

### 1 轮廓匹配

原始的医学图象经过一系列图象处理之后, 即可将各切片层上的轮廓提取出来, 如图 1 所示。

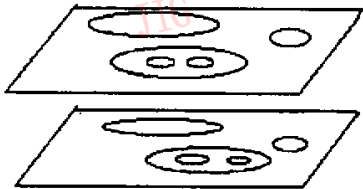


图 1 相邻切片上的轮廓图

在同一切片图上有若干个轮廓, 可用  $S(z) = \{C_i, i = 0, 1, \dots, N_s - 1\}$  来表示, 其中  $S(z)$  表示柱坐标为  $z$  的切片,  $N_s$  为该层上轮廓的个数。通过对每一个轮廓  $C_i$ , 分别求出其重心  $C_i = (x_i, y_i, z_i)$ , 即可得到重心点的集合  $\alpha(z) = \{C_i, i = 0, 1, \dots, N_s - 1\}$  如图 2 所示。

$\dots, N_s - 1\}$  如图 2 所示。

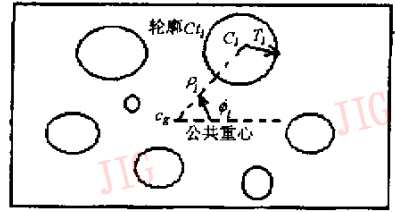


图 2 同一切片上的轮廓, 轮廓重心和公共重心及轮廓重心相对于公共重心的极坐标

但在实际计算中, 考虑到轮廓的形状比较对称, 其重心与其几何中心相距甚微, 因此可以用中心(定义为轮廓上各点坐标的平均)来代替重心, 然后根据各轮廓的面积求其“质量”。实践证明, 这一替换可以大大降低计算复杂度。当切片图内各轮廓代表的物体质量密度相同时, 各轮廓的“质量”与其所围的面积成正比(在具有先验知识的情况下, 也可根据实际情况对不同轮廓赋予不同的权值, 以体现密度差异)。由于生物体组织切面上的轮廓绝大多数都是近似圆形的, 为减小计算复杂度, 本文将进行如下计算。

定义轮廓  $C_i$  的半径为  $r_i = \frac{p_i}{2\pi}$ , 其中,  $p_i$  为轮廓  $C_i$  的周长。由于  $C_i$  的质量与轮廓所围面积成正比, 即与半径平方成正比, 所以其质量  $m_i$  可表示为

$$m_i = \Delta_i \pi r_i^2 \tag{1}$$

其中,  $\Delta_i$  为轮廓  $C_i$  的密度, 对于有内轮廓的轮廓, 其质量还应减去内轮廓包括的部分, 即

$$m_i = \Delta_i \pi \left( r_i^2 - \sum_{j \in C(i)} r_j^2 \right) \tag{2}$$

其中,  $C(i)$  为轮廓  $C_i$  包含的内轮廓的集合, 在各轮廓代表的物体质量密度相同时, 为计算方便, 取  $\Delta_i \pi = 1, i = 0, 1, \dots, N_s$ 。

在求出切片内各轮廓重心和“质量”后, 即可算出该层切片的公共重心位置  $c_g(z)$  (即把切片看成为由各个有质量的轮廓组成整体时的重心位置), 如图 2 所示。

$$c_g(z) = \left( \frac{\sum_{i=0}^{N_s-1} m_i x_i}{\sum_{i=0}^{N_s-1} m_i}, \frac{\sum_{i=0}^{N_s-1} m_i y_i}{\sum_{i=0}^{N_s-1} m_i}, z \right) \tag{3}$$

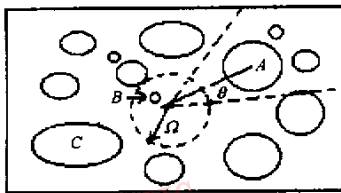
设  $C^u = \{C_i^u, i = 0, 1, \dots, N_u - 1\}$  代表上层切片各轮廓重心, 其中  $C_i^u = (x_i^u, y_i^u, z_i^u)$ , 其上层切片公共重心是  $c_g^u$ , 而  $C^l = \{C_i^l, i = 0, 1, \dots, N_l - 1\}$  代表下

层切片各轮廓重心,其中  $C_i^l = (x_i^l, y_i^l, z_i^l)$ , 其下层切片公共重心是  $c_g^l$ .  $N_u$  和  $N_l$  分别是上、下切片层轮廓的数目. 本文由于是从轮廓数多的切片层向少的切片层寻找轮廓匹配关系, 因此不妨设  $N_u \geq N_l$ , 否则, 只需在下述做法的叙述中, 将上下层次序颠倒即可.

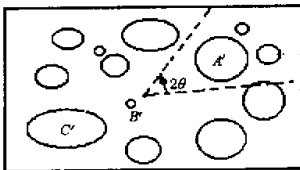
轮廓匹配算法如下:

(1) 对上层各轮廓  $Ct_i^u$ , 将其重心的  $x, y$  坐标  $(x_i^u, y_i^u)$  转化为相对于公共重心  $c_g^u$  的极坐标  $(\rho_i^u, \varphi_i^u)$ , 同样对下层各轮廓  $Ct_j^l$ , 也将其重心的  $x, y$  坐标  $(x_j^l, y_j^l)$  转化为相对于公共重心  $c_g^l$  的极坐标  $(\rho_j^l, \varphi_j^l)$ , 这样对于上层每个轮廓重心的极坐标  $(\rho_i^u, \varphi_i^u)$ , 下层必然存在一个轮廓  $Ct_j^l$ , 如果该轮廓重心的极坐标  $(\rho_j^l, \varphi_j^l)$  与之最接近, 并且轮廓尺寸也最相似, 那么这一对轮廓就被认为是相匹配的轮廓.

另外, 在确定轮廓匹配关系时, 要考虑如下 3 个因素: ① 它们的重心极坐标的半径值最接近; ② 它们的重心极坐标的幅角最接近; ③ 它们的轮廓形状和大小最相似. 这是因为幅角相差很大的轮廓间显然不会存在匹配关系 (如图 3(a) 中轮廓 A 显然不会与图 3(b) 中轮廓 C' 匹配), 所以在计算中, 只需在相邻切片上, 幅角相差在一定阈值范围内的轮廓之间寻找匹配关系. 设在下层轮廓中, 与上层轮廓  $Ct_i^u$  重心极坐标幅角相差在阈值  $\theta$  以内的轮廓集合是  $PM_i = \{Ct_{i_1}^l, Ct_{i_2}^l, \dots, Ct_{i_N}^l\}$  (如对图 3(a) 中轮廓 A, 此集合即对应于图 3(b) 中扇形区域内的轮廓集合).



(a) 上层切片



(b) 下层切片  
(b) 下层切片

图 3 相邻层间轮廓匹配算法示意图

(2) 作度量函数  $f(i, j)$ , 以衡量轮廓  $Ct_i^u$  与  $PM_i$  中各轮廓匹配的可能性:

$$f(i, j) = |\rho_i^u - \rho_j^l| + \alpha |\varphi_i^u - \varphi_j^l| + \beta |r_i^u - r_j^l| \quad (4)$$

$$j = i_1, i_2, \dots, i_N$$

其中,  $\alpha$  和  $\beta$  分别是调节这 3 项比例的调节因子, 具体值可以通过实验来确定 (在下文中由实验给出). 式 (4) 中的 3 项分别对应于上述 3 个要考虑的因素, 其中, 第 1 项用于衡量极坐标半径值相差大小; 第 2 项用于衡量极坐标幅角相差大小; 第 3 项用于衡量轮廓大小相似程度. 这样, 在  $PM_i$  中, 使  $f(i, j)$  值最小的一个轮廓  $Ct_{i_m}^l$ , 即为  $Ct_i^u$  在下层的匹配轮廓  $Ct_{i_m}^l$ .

这里, 有一种需要注意的情形是, 由于切片公共重心在相邻层会有一定的移动, 因此对距公共重心较近的轮廓 (如图 3 中的轮廓 B 和 B') 其在相邻层上幅角的变化会比较大, 这样上面说的只对幅角相距较小的轮廓才进行匹配的方法就不适用了, 其解决的办法是设定一阈值  $\Omega$ , 然后对轮廓重心与公共重心距离大于  $\Omega$  的轮廓, 才用上面方法处理, 反之, 对于轮廓重心与公共重心距离小于  $\Omega$  的轮廓, 则比较它与下层所有轮廓的度量函数  $f(i, j)$  的值, 以找到最优匹配轮廓.

这样, 便确定了相邻切片间各轮廓的匹配关系, 这种方法明显的优点是, 有良好的全局性, 它充分利用了同一切片层内各轮廓间相对位置的信息, 并且计算简单, 迅速, 有良好的实时性.

## 2 轮廓匹配算法的检验

为了检验本文匹配算法的效果, 本文设计了一种方法对上述匹配算法进行了检验. 即首先在坐标平面上以均匀概率随机生成  $N$  个点, 作为轮廓重心, 然后产生  $N$  个均值为  $u_r$ , 方差为  $\sigma_r$  的正态分布的随机抽样值, 再以每一点为圆心, 并以一个正态分布抽样值为半径, 作一个圆来代表一个轮廓, 这样, 大多数轮廓的半径在均值  $u_r$  附近, 只有少数圆的半径较大或较小, 这与实际情况是吻合的. 这样, 便构造了一幅切片图, 如图 4(a) 所示, 接着再用如下方法构造它的相邻层切片图, 即对图 4(a) 中每个圆心, 让其坐标偏移一均值为 0, 方差为  $\sigma_{xy}$  的正态分布随机抽样值, 也就是使圆心在相邻层上移动一个较小的距离, 以模拟生物组织在相邻层上有位移的情形; 对每个圆的半径值, 让其加上一均值为 0, 方差为  $\sigma_r'$  的正态分布随机抽样值, 以模拟生物组织形状变粗和变细的情形. 再以各个新的圆心和半径值作圆, 以生成与上一幅图匹配的轮廓, 这样便得到了新的相邻切片, 如图 4(b) 所示.

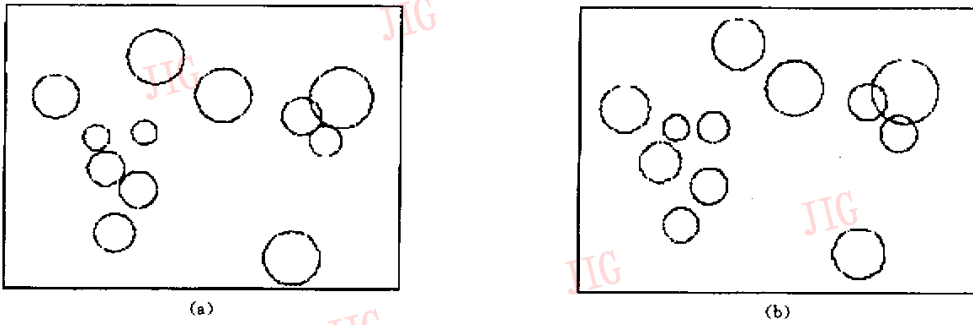


图 4 模拟生成的切片图及其相邻层切片

从图 4 可以看出,图 4(a)与图 4(b)中各轮廓间的相对位置和大小有所不同。

由于用上述方法构造相邻层切片图时,各个轮廓匹配关系是已知的,所以只要用上述轮廓匹配算法求匹配关系,然后将所得结果与已知匹配关系的轮廓进行比较,即可验证算法的正确和优劣。这里定义正确匹配的轮廓数与总轮廓数的比值为匹配正确率(correct rate)。设切片图的长和宽各为 100,轮廓半径均值  $u_r$ , 以此为参照,匹配正确率取计算 200 次的平均值。本文通过选取了若干不同的参数进行检验,得到如下一些结果(图 5~图 8)。

图 5 是不同平均半径  $u_r$  轮廓的匹配正确率与轮廓数  $N$  的关系曲线。从图 5 可见 (1)匹配正确率大都在 0.93~1,在轮廓平均半径较小时,可达到 0.96 以上。这说明本文算法的正确性是很高的 (2)匹配正确率随同一切片内轮廓数目的增加有减小的趋势,这是因为轮廓数目的增加,使得轮廓变得“拥挤”,从而模棱两可的匹配情况也相应增加 (3)当轮廓平均半径变大,而其它参数保持不变时,匹配正确率降低,这也是因为切片内的轮廓变拥挤所致。

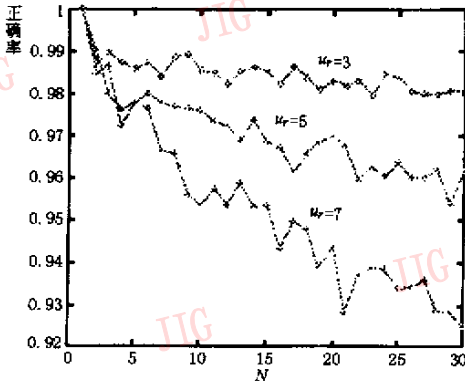


图 5 正确率与轮廓数目  $N$  关系曲线

轮廓的位置和轮廓的半径在相邻层间的变化越大,匹配正确率越小。这对应在实际情况中,即相邻切片层距离越大,则它们的位置偏移也越大,且相似程度也相应减小,这将不可避免地给匹配造成错误。图 6 表明,轮廓大小的改变对匹配正确率的影响更大一些。

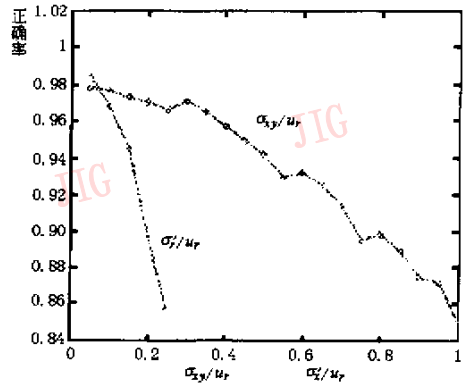


图 6 正确率与  $\sigma_{xy}/u_r$ 、 $\sigma'_r/u_r$  关系曲线

由图 7 可见,在确定式(4)中  $\alpha$  的大小时,可根据不同的轮廓平均半径来进行计算,实验结果表明(图 7),当  $\alpha$  很小时,匹配正确率较低,随着  $\alpha$  增大,匹配正确率很快升高,但  $\alpha$  大到一定程度后,匹配

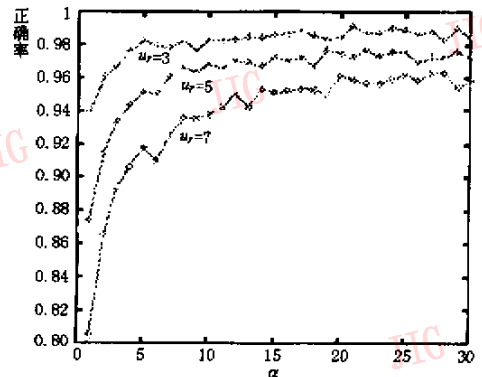


图 7 实验确定  $\alpha$  值

从图 6 可明显地看到,  $\sigma_{xy}/u_r$  和  $\sigma'_r/u_r$  越大,即

正确率就不再有明显升高. 根据图 7, 本文取  $\alpha$  在 20 ~ 25 为它的理想值.

由图 8 可见, 在确定式 (4) 中  $\beta$  的大小时, 发现当  $\beta$  取值较小时, 匹配正确率最大. 若再增大  $\beta$ , 则正确率会显著降低. 根据图 8, 本文取  $\beta$  的理想值在 4 ~ 6.

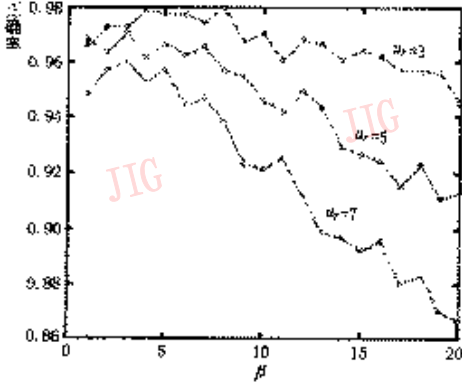


图 8 实验确定  $\beta$  值

### 3 切片对齐

以上轮廓匹配算法是基于这样一个假设, 即每相邻两层切片之间的相对位置是与实际生物体一致的, 但对于透射电子显微镜 TEM 等照片, 由于每张切片都是独立制备和拍摄的, 因而切片之间不可避免地会出现一些相对位移和偏转, 因此有必要调整它们之间的相对位置, 即使切片“对齐”. 这样才能保证根据这些图象重建出来的物体反映生物组织的实际面貌.

基于以上的考虑, 本文设计了能够进行上述“对齐”的算法. 其基本思想是: 首先设计一个功效函数, 用以估计在某个位置上相邻两切片对齐的优良性; 然后遍历各个可能的对齐位置, 其中, 使此功效函数最小的位置即为最佳对齐位置; 最后对所有切片层依次处理, 即可将原来的切片序列对齐.

按照客观规律, 生物体内部各组织, 如血管, 骨骼, 神经等应像建筑物墙壁内部各种各样的管道一样, 是连续的, 在相邻很近的两层切片间, 不会出现大的形变和位移. 这样, 功效函数的设计就应建立在估计相邻层间各匹配轮廓的平均距离的基础上.

对齐时, 首先, 将一幅切片平移, 使其公共重心位置与另一幅相同, 即使得在将一幅切片公共重心向相邻层作竖直投影时, 若投影点正好落在相邻层的公共重心上, 那么理想的对齐位置就应在这附近.

由此可见, 理想的对齐位置应使相邻层上每一对匹配轮廓重心之间的平均距离最小. 由此, 可通过

设计如下功效函数  $d_o(p)$ , 来衡量各匹配轮廓间的平均距离.

$$d_o(p) = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{N_u-1} \alpha(C_i^u, C_{m(i)}^l) \quad (5)$$

其中,  $\alpha(C_i^u, C_{m(i)}^l)$  是重心为  $C_i^u$  的上层轮廓与其相匹配的下层轮廓重心  $C_{m(i)}^l$  间的距离, 而理想的对齐位置  $p$  应使功效函数  $d_o(p)$  最小.

在公共重心位置对齐后, 再在各个可能的对齐方向上, 即  $x$  轴的正负方向  $x+$ ,  $x-$ ,  $y$  轴的正负方向  $y+$ ,  $y-$ , 幅角旋转  $\varphi+$ ,  $\varphi-$  这 6 个方向上的各个位置计算功效函数的值, 再使切片移动到使功效函数最小的那个位置上, 这就是算法的基本步骤.

考虑到图 9 的情形, 即如果在用以上功效函数来衡量距离时, 各个轮廓都被同等地考虑, 则对齐后, 会出现图 9(a) 的情形, 左边尺度较大的物体在相邻层间有较大的移位, 而实际情况如图 9(b) 所示的情形, 由于尺度大的物体在切片间不会有大的扭曲和形变, 而尺度较小的物体与尺度大的物体相比, 更有可能发生位移和扭曲. 因此, 在对齐过程中, 尺度大的轮廓的参考作用应比尺度小的物体大, 所以应根据轮廓尺度大小赋予不同权值. 这样功效函数应修正为

$$\alpha(p) = \frac{1}{N_u} \sum_{i=0}^{N_u-1} r_i^u r_{m(i)}^l \alpha(C_i^u, C_{m(i)}^l) \quad (6)$$

其中,  $r_i^u$  是轮廓  $C_i^u$  的半径,  $r_{m(i)}^l$  是与之相匹配的下层轮廓  $C_{m(i)}^l$  的半径.

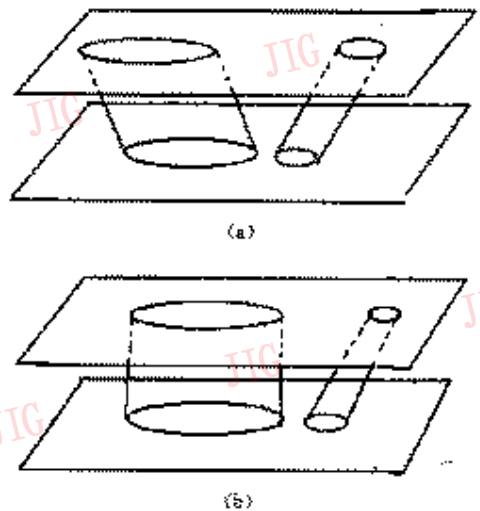


图 9 尺度不同的轮廓在对齐时的参考作用不同

在一般情况下, 用这种方法对齐可以达到很好的效果, 为了更好地利用图象内部信息, 进一步优化对齐的效果和精度, 本文设计了下述的方法 (图 10):

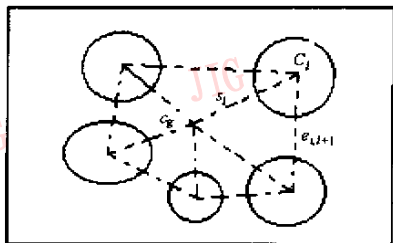


图 10 轮廓对齐算法示意图

首先将上层切片公共重心  $C_g$  与每一轮廓重心  $C_i$  的连线段记为  $CL^u = \{s_i; i = 0, 1, \dots, N_u - 1\}$ , 然后顺次连接每一轮廓的重心, 记为  $PL^u = \{e_{i,i+1}; i = 0, 1, \dots, N_u - 1\}$ ; 当  $i = N_u - 1$  时,  $e_{i,i+1}$  为  $e_{N_u-1,0}$ . 这样, 对于上层切片  $CL^u$  中的每条线段  $s_i^u$ , 其在下层中与之对应的线段  $s_{m(i)}^l$  即是与轮廓  $Ct_i^u$  匹配的下层轮廓  $Ct_{m(i)}^l$  的重心与下层公共重心  $c_g^l$  的连线; 同理,  $PL^u$  中的线段  $e_{i,i+1}^u$  在下层中与之对应的线段  $e_{m(i),m(i+1)}^l$  即为分别与轮廓  $Ct_i^u$  和  $Ct_{i+1}^u$  相匹配的下层轮廓  $Ct_{m(i)}^l$  和  $Ct_{m(i+1)}^l$  重心的连线段. 其中, 线段  $s_i^u$  和  $e_{i,i+1}^u$  上的每一点  $t^u$ , 它在下层对应线段上的对应点  $t^l$  是这样确定的: 若从点  $t^u$  向下层平面作投影, 则在对应线段上距投影点最近的一点  $t^l$  即为对应点, 且每对对应线段之间的平均距离定义为

$$f(l, m(l)) = \frac{1}{P(l)} \sum_{i=0}^{P(l)-1} d(t_i^u, t_i^l) \quad (7)$$

其中,  $P(l)$  为线段  $l \in CL^u$  上点的个数,  $d(t_i^u, t_i^l)$  为对应的两点之间的距离. 进而功效函数  $d(p)$  可修正为

$$d_{\text{mod}}(p) = d(p) + \frac{1}{N_u} \sum_{i=0}^{N_u-1} r_{i,m(i)}^u f(s_i^u, s_{m(i)}^l) + \frac{1}{N_u} \sum_{i=0}^{N_u-1} \sqrt{r_{i,m(i)}^u r_{i+1,m(i+1)}^l} f(e_{i,i+1}^u, e_{m(i),m(i+1)}^l) \quad (8)$$

其中, 第 1 项加权用于衡量各轮廓重心点之间的平均距离; 第 2 项加权用于衡量  $CL^u$  中各对匹配线段间的平均距离; 第 3 项加权用于衡量  $PL^u$  中各对匹配线段间平均距离. 对系列切片, 则需从上到下遍历各切片, 然后逐层寻找, 并移动至使功效函数最小的对齐位置, 其用伪码表示的算法为:

For 每层切片

```

For 每个可能的对齐位置 (x + , x - y + , y - φ + , φ - )
    决定该层在此位置上与相邻层的轮廓匹配关系;
    case 1 // 只使用轮廓重心对齐
        distance = d(x + , x - y + , y - φ + , φ - );
    case 2 // 利用轮廓重心和切片上轮廓的连线对齐
        distance = d_mod(x + , x - y + , y - φ + , φ - );
    
```

```

end for
按使 distance 最小的位置进行对齐;
end for.
    
```

这样, 利用轮廓匹配中的操作, 切片对齐的算法就很容易实现.

### 4 切片对齐算法的检验

在对轮廓匹配算法检验的基础上, 本文又进一步设计了对切片对齐算法的检验方法, 即在产生了一组切片图后, 先将相邻层切片整体的坐标朝任意方向偏移一段距离, 移动之前的位置称为原始位置, 再利用上述轮廓对齐的算法将相邻层进行对齐, 这里将对齐后的位置称为对齐位置. 然后比较对齐位置与原始位置的差距, 并定义它们的  $x$  坐标和  $y$  坐标之差的平均值与切片图宽度之比为对齐误差 (error). 检验时, 将切片长和宽各定为 100, 且以轮廓半径均值  $u_r$  为参照. 图 11 和图 12 是用上述伪码表示的对齐算法中的情况 1 和情况 2 两种情况下, 取 200 次计算的平均值所得的结果.

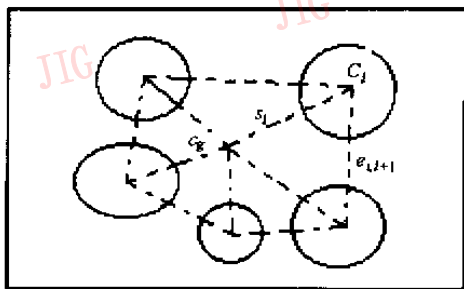


图 11 对齐误差曲线 (情况 1)

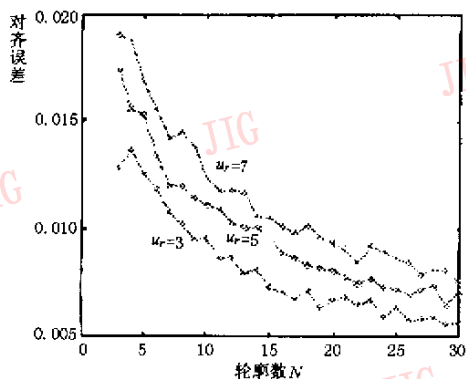


图 12 对齐误差曲线 (情况 2)

从图 11 中可看出,当切片图上的轮廓数目大于 15 个时,对齐误差不超过 1.0%,当轮廓数目增多时还会更小,可见本文算法的正确率是非常高的.从图 12 可看出,采用情况 2 的算法进行计算后,当轮廓数目大于 15 时,对齐误差不超过 0.7%,与图 11 相比,可以看出对齐的精度有所提高,因此为提高对齐精度所增加的计算是值得的.

### 参 考 文 献

- 1 余松煜,周源华,吴时光编. 数字图象处理. 北京:电子工业出版社. 1989:155165.
- 2 Oscar A Zuniga, Robert M Haralick. Integrated directional derivative gradient operator. IEEE Transactions on Systems, Man, and Cybernetics, 1987, SMC-17(3):508517.
- 3 Kevin Montgomery, Muriel D Ross. A method for semiautomated serial section reconstruction and visualization of neural tissue from TEM images. (San Jose, CA SPIE, 1993) <http://biocomp.arc.nasa.gov/>.
- 4 Kevin Montgomery, Muriel D Ross. Improvements in semiautomated serial-section reconstruction and visualization of neural tissue from TEM images. (San Jose, CA SPIE, 1993) <http://biocomp.arc.nasa.gov/>.

- 5 Kevin Montgomery, Muriel D Ross. Non-fiducial, shape-based registration of biological tissue. <http://biocomp.arc.nasa.gov/>.

洪 泉 1980 年生,中国科学技术大学 95 级少年班学生,获计算机科学技术专业学士学位.曾获 1999 年美国大学生数学建模竞赛二等奖.目前从事三维重建和可视化的研究和软件设计.

陈德强 1977 年生,1999 年获中国科技大学精密机械与精密仪器系学士学位,现为中国科技大学精密机械与精密仪器系硕士研究生.现主要研究领域为共焦激光扫描显微镜技术及其应用.

黄文浩 1944 年生,1968 年毕业于清华大学精密仪器系,现为中国科技大学精密机械与精密仪器系教授,博士生导师.主要从事 SPM 仪器及纳米技术领域的研究工作,完成两项国家自然科学基金项目,在国内外发表论文 30 多篇.