

基于脑图谱和模糊聚类的磁共振图像分割标注*

谭 鸥 贾春光 吕旭东 段会龙 吕维雪

(浙江大学生命科学与医学工程学系 杭州 310027)

摘要 利用 TT Atlas 中丰富的结构信息,文章提出了一种自动分割脑 MRI(magnetic resonance image)图像的方法.这种方法可分为两步.首先,将 MRI 图像和 TT Atlas 配准,通过图像和医学图谱的匹配,利用图谱中结构信息的先验知识,就可以对图像作初步的分割标注.然后,利用这个预分割的模板对 MRI 图像进行模糊聚类分割,从而提高分割的精度.为了自动地将预模板中的结构信息用于分割,文章还提出了一种引入形状因子的 FCM 聚类算法.除了在匹配时需要手工定出一些点之外,该方法基本上是自动的.

关键词 MRI(magnetic resonance image),自动图像分割,图像匹配,脑图谱,模糊 C 均值聚类,形状因子,可视化人体数据集.

中图法分类号 TP391

MRI(magnetic resonance image)的分割标注是指,将 MR 图像中属于同一组织的图元集群,并标为同一类(图元可以是二维的,即像素;也可以是三维的,即体素).其目的是为了量化不同组织类型的形状尺寸,然后显示在三维空间中,用来指导手术和治疗,例如,对肿瘤的检测、各种脑部器官病变的诊断、放射治疗的计划等.

在过去的十几年中,人们已提出了许多对脑断层图像的自动分割和标注方法,并获得了一定的成功^[1~3].分割方法一般可分为两类:基于边缘检测的和基于区域特征的.虽然边缘检测方法可以产生封闭的边界,但由于边缘检测算子对噪声干扰较敏感,对于边界不太明显的区域误差较大,所以现在的注意力都集中在区域识别上.区域识别包括阈值法、聚类法、区域生长法、一致性测量法、分开-合并法以及这些方法的组合等.但是,对于像医学图像这样精细、复杂的对象,要纯粹基于图像内容全自动地分割出所有的组织结构,是非常困难的.图像匹配是分析两(多)幅图像或其中一部分的相似性或一致性的处理过程.通过医学图像和医学图谱的匹配,可以把不同模态的图像统一到某个已知的标准坐标系(空间正规化)中,从而确定图像数据集之间的几何变换关系,而且可以实现在医学图谱指导下的医学图像分割和分类.对于医学图像和医学图谱之间的匹配,往往采用非刚性的匹配方法.准确的匹配可以把来自医学图谱的语法的和/或语义的信息映射到不同病人个体的图像上去.医学图像和图谱之间的匹配算法可以根据匹配过程中人工干预的多少分为手工对准方法、有指导的对准方法和全自动的对准方法^[4].

典型的数字化医学图谱有法国 Talairach 和 Tournoux 制作的 Talairach-Tournoux 脑图谱(TT atlas)^[5],德国汉堡大学 Höhne 等人所做的 VoxelMan^[6],美国国家医学图书馆(NLM)发起实现的数字化人体 Visible Human Project^[7]等.

FCM 算法是一个有效的数据聚类方法.它通过最优化一个模糊目标函数来实现聚类,一般要通过迭代来求解.这类算法的特点是赋予每个数据点一个置信度,用来表明数据点对各类的隶属程度,而不是像“硬”聚类那

* 作者谭鸥,1973年生,博士生,主要研究领域为医学图像处理,虚拟现实.贾春光,1969年生,博士,主要研究领域为信号及医学图像处理,计算机图形学.吕旭东,1973年生,博士生,主要研究领域为医学图像处理,远程医疗.段会龙,1963年生,博士后,副教授,主要研究领域为人体视觉,信号及医学图像处理,远程医疗.吕维雪,1930年生,教授,博士生导师,主要研究领域为生物医学信息,图像重建,仿真建模.

本文通讯联系人:谭鸥,杭州 310027,浙江大学生命科学与医学工程学系 590#

本文 1998-03-23 收到原稿,1998-06-29 收到修改稿

样,认为每点只能属于某一特定类。

FCM 算法在图像分割处理中已得到广泛的应用,其中美国南佛罗里达州大学的 Matthew C. Clark 等人将无指导的 FCM 算法和知识模型相结合,实现了 MRI 图像的二维自动分割^[8],但他们的脑模型只有 3 个切片,分割主要集中在灰质、白质等较大的结构上,而且分割和标注是分别进行的。

本文提出了一种自动分割脑 MRI 图像的方法,这种方法可分为两步。首先,将 MRI 图像和 TT Atlas 配准,通过图像和医学图谱的匹配,可以把图谱中存储的拓扑信息直接映射到 MRI。然后,对这个预分割的模板用 FCM 方法进行模糊聚类分割。本文还提出了一种加权 FCM 聚类算法,将模板信息直接反映到 FCM 算法的迭代求解中,控制收敛的方向和速度。本文第 1 节分析了图谱匹配和加权 FCM 聚类分割算法的原理,给出了具体的方法和参数的选择。第 2 节和第 3 节对实验结果进行了比较和分析。最后是结论。

1 理 论

1.1 匹 配

图谱匹配方法的一个直接的应用就是实现医学图像的自动分割。对于像医学图像这样精细、复杂的对象,要纯粹基于图像内容完全自动地分割出所有的组织结构,几乎是不可能的。而通过图像和医学图谱的匹配,可以把图谱中存储的拓扑信息直接映射到待分割的图像,这就好比是借助于专家知识指导的分割过程,但这个过程可以实现完全自动化。其他信息,包括功能信息、相对关系以及层次信息,也都可以通过匹配映射到图像中去。

我们采用 TT 脑图谱作为匹配的源图像,因为它提供了一个独立的参考坐标系,并且有极为丰富的空间解剖结构信息。另外,虽然这种图谱和任何实际病人的图像没有直接的关系,但它在医学教学领域中有着极为广泛的应用。

匹配方法大体上可分为线性和非线性两类。对我们的要求来说,一个较好的三维分段线性匹配就够了。这样做的好处是匹配时的手工标注工作可以减少。

用于线形匹配的参数(平移、旋转、缩放、仿射等)通过交互操作来确定,方法有以下两种:

(1) 基于图标的匹配:用户选中一系列的参考点或平面作为图标,然后系统计算出匹配变换矩阵。首先找到脑中隔面,然后在其上找到前联合点(AC)和后联合点(PC),最后定出脑的顶点,即在脑中隔面上通过 AC 点垂直于 AC-PC 的线与脑皮层顶部的交点。有了这些参考点,我们就可以利用 TT 图谱的坐标系定出线形匹配的参数。这种坐标系已被证明适于脑结构的定位。它的定义如下:坐标原点是 AC 点,第 1 个坐标轴由 AC-PC 线确定,第 2 个轴的方向由脑中隔面的法线的方向确定,第 3 个轴垂直于前两个轴并且方向向上。为了确定水平方向的缩放尺度,我们还需要定出一些极值点。

(2) 基于视觉的匹配:用户通过比较目标图像和图谱的结果,交互地做一些线形变换的操作。比如在处理某些图像时,直接做水平方向的缩放比定极值点更可靠。

在实际应用中,往往是两种方法结合使用。一般是先作基于图标的变换,再根据结果作一些基于视觉的匹配。

1.2 基于形状因子的模糊分割

对于多特征向量的图像(如彩色图像、MRI 的 3 种频率分量构成的图像,或加上梯度、纹理特征等的图像)进行分割,可以采用聚类方法。将 FCM 算法用于这类图像的聚类,除了可以得到分割图像之外,还可以根据像素的隶属度判断该像素属于某一类的隶属程度。这对多特征向量图像像素分析是很有用的。例如,当某点对各类的隶属度远小于 1 时,表明其处于各类的分界处,或是某几类物体的混合。

通过图谱匹配的结果,我们可得到一个预分割模板,它反映了脑中各结构的数目、位置、集合形状等。为了将这些形状的约束引入聚类分割,我们将目标图像各像素的空间坐标作为一个特征。但是,由于各组织结构形状各异,很难用球形或其他规则的形状来表示。所以,各点到各聚类中心的距离不能用欧基里德距离来表示。因此,我们引入形状因子这个概念。利用形状因子,我们可以计算出空间某一点到某类的空间距离,而其他特征空间的距离仍然采用欧基里德距离来计算。然后将两种距离进行加权相加,就得到通常模糊聚类中使用的距离。

所谓形状因子,简单地说,就是用一个点的集合来表示某结构的中心,某点到该结构的距离为该点到中心点集的最短距离.空间内所有点到该结构的距离的矩阵构成该结构的形状因子.这个距离应满足以下两点:(1)离形状的中心点越近,距离越小;(2)形状边缘的点到中心的距离相等.但是,这个点集实际上是很难计算得到的.我们利用数学形态法中的腐蚀和膨胀操作,可以避开求点集,直接计算各点到某类的距离.

首先,对每一个结构 M 建立一个二值化的模板. $d_{i,j,k}$ 表示从点 (i, j, k) 到 M 的距离,则距离的计算方法如下.

(1) 初始化, $l=0, M(l)=M$,

$$d_{i,j,k}(l)=0, \quad \forall (i, j, k) \in V. \tag{1}$$

(2) 计算距离

$$d_{i,j,k}(l+1)=d_{i,j,k}(l)+1, \quad \forall (i, j, k) \notin M(l). \tag{2}$$

(3) 收缩操作

$$M(l+1)=erosion(M(l)). \tag{3}$$

(4) 如果 $M(l+1)=M(l)$, 进到第(5)步, 否则 $l=l+1$, 回到第(2)步.

(5) $d'_{i,j,k}(0)=d_{i,j,k}(l), \quad l=0, M(l)=M$.

(6) 膨胀操作

$$M(l+1)=dilation(M(l)). \tag{4}$$

(7) 计算距离

$$d'_{i,j,k}(l+1)=d'_{i,j,k}(l)+1, \quad \forall (i, j, k) \notin M(l+1). \tag{5}$$

(8) 如果 $l > (t * L)$ 或 $M_k(l+1)=M_k(l)$, 算法结束, 否则 $l=l+1$, 回到第(6)步.

求得所有模板的距离矩阵后, 设 $d(i, j, k)$ 是由图像空间上一点 (i, j) 到类 k 的距离, d 为第(4)步得到的距离, 则

$$d''(i, j, k) = d'(l, j, k) - a3 * \sum_{m=1, m \neq k}^c d(i, j, m). \tag{6}$$

式中 $a3$ 为比例系数, c 为总的结构数.

有了距离的计算方法后, 我们可仿照传统的 FCM 算法的步骤进行模糊聚类分割. 图 1 为几个结构(皮质、豆状核、丘脑、白质)的形状因子, 越亮表示距离越大, 它们的计算是相互制约的.

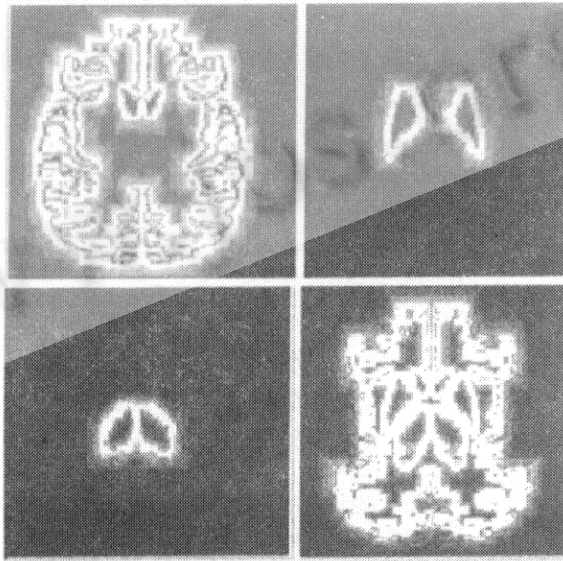


图 1 某一切面上 4 种结构的形状因子

1.3 算法流程

(1) 由于 TT 图谱没有头皮、颅骨、肌肉等部分,所以在模糊分割前,我们要先在 MRI 图像中去掉这些部分。Matthew C. Clark 在文献[8]中给出了一种方法,可以方便地去掉颅骨等组织,其中思想是:对 T_1 加权的图像作二值化。由于颅骨的 T_1 值最小,所以容易将其和脑分开,然后利用数学形态学的方法得到脑的二值化模板。

(2) 将 TT 图谱和脑的 MRI 图像进行三维线形匹配。通常,脑中隔面和 AC 点易于找到,当切片间距太大时(如 5mm),PC 点有时找不到,这时,可根据丘脑估计 PC 点,对数据重新采样可得到矢状面的切片。在脑中隔面上可以确定脑的顶点,然后,我们可以根据这些参考点,计算出图像中每一点在 TT 坐标系中的坐标,再进行一些交互操作,如,使脑皮层约外沿和 TT 图谱的皮层外沿相当,使图像和 TT 图谱更好地匹配(线形基础上)。由此,反推对 MRI 的每一个二维断层图像,可得一个包含组织结构信息的预分割模板。

(3) 利用预分割模板,按照第 1.2 节中的算法计算形状因子 D_{ik} 。

(4) 引入形状因子的 FCM 聚类,在聚类过程中,某点到某类的空间距离保持不变。

$$d_{ik} = a_1 D_{ik} + a_2 d'_{ik}, \quad (7)$$

d'_{ik} 由式(7)计算,此时, v_k 是 (T_1, T_2, PD) 构成的 R^3 空间中的向量; a_1 和 a_2 是比例系数,聚类的迭代计算过程和标准的 FCM 聚类相同。

(5) 通过聚类结果,分割 MRI 图像。

(6) 重复步骤(3)~(5)数次。

1.4 参数选择

在上述方法中,有两处涉及迭代:一处是 FCM 聚类的迭代求解;另一处是分割和求形状因子的次数,在第 1 种情况中,虽然距离的求法和标准方法不同,但由于空间距离在迭代时保持定值,因此,该迭代过程是一个收敛过程。而且,由于初始隶属度矩阵由分割模板得到,是一个较优化的解,因此,收敛过程也是比较快的。在第 2 种情况下,迭代次数越多,则预分割模板的限制作用越弱,分割结果和图像的属性的相关性就越强,当迭代次数无限多时,就成了一般的 FCM 聚类分割。如果强调模板的作用,则迭代次数要少。反之,可增加迭代次数,对于 MRI 图像分割,迭代次数应较少,一般取 2~4 次。

2 分割结果

我们用 NLM 的 Visible Human Dataset 中的 MRI 图像对算法进行了验证。首先我们对图像作线形匹配,匹配方法是找到图像集的坐标系到 TT 坐标系的变换矩阵,然后反求出某一点对应的 TT 组织特性,图 2(a)为 TT 图谱中的一片横断面图像(原图为彩色),图 2(b)为匹配后且简化后得到的预分割模板,图 2(c)是去掉颅骨等组织的 MRI 图像(原图为 (T_1, T_2, PD) 三分量的彩色图像),图 2(d)是无模板模糊分割的结果,图 2(e)引入了形状因子的模糊分割结果,二次迭代,图 2(f)是引入形状因子的模糊分割结果,四次迭代。图 2(b)给出了按此方法求得的距头顶 90cm 处的 MRI 切片的预分割模板。然后,根据图像的特征对一些结构进行了合并和简化。最后得到的模板包含皮质、白质、尾状核、豆状核、丘脑、脑室、胼胝体等结构。图 2(e)给出了分割的结果,其中 FCM 算法的模糊度为 2,模板的迭代次数为 2,FCM 中的最大迭代次数为 100,终止条件为 $\epsilon < 10^{-6}$ 。由于结构信息直接和类相关,我们将不同的类用不同的颜色表示。从分割结果看,各结构具有较为清晰的边界,且和手工分割的效果差不多。但豆状核消失的结果表明,引入形状因子的模糊分割能结合脑结构信息和实际图像的特征,达到自动分割和标注的目的。

在实际分割中,有一些结构的特征向量没有什么差别,而且又互相邻近,通过简单的模糊聚类也无法分开,如胼胝体和白质;尾状核和豆状核,用引入形状因子的模糊分割能得到两个区域,但其边界对参数极为敏感,因此也没有实用价值。对于这样的结构,我们采用二次分割的方法,即先将其合并,作为同一类进行匹配分割,然后将模板中这两种结构的空间关系映射到分割的结果中。当然,这样做就需要对分割图像的特征进行分析,好在 MRI 图像的特征都是相似的,我们可以统计这种例外的情况,并应用到所有的 MRI 脑图像的标注中。

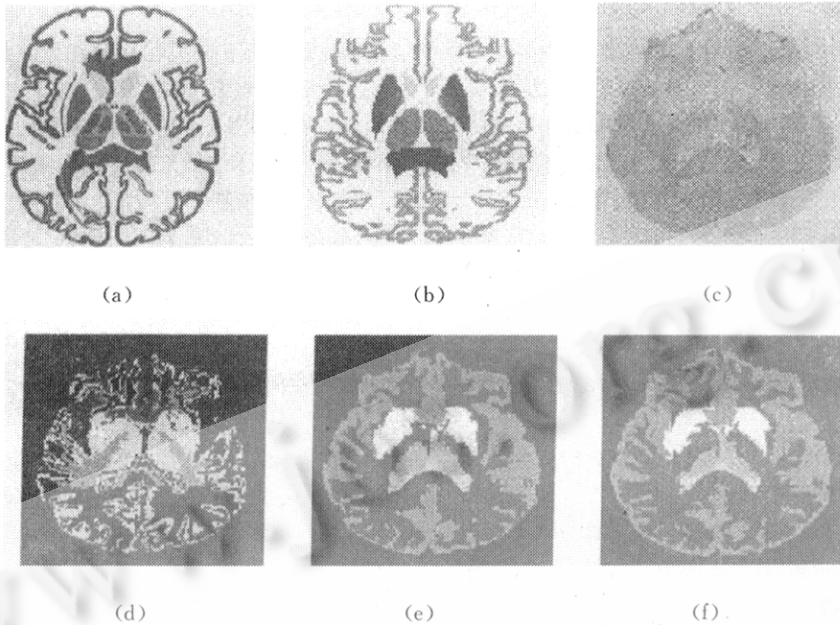


图 2 分割结果

3 收敛性

图 3 为收敛性的检验,其中横坐标为聚类时的迭代次数,纵坐标为目标函数值.实线为第 1 次计算的目标函数,虚线为第 2 次,圆圈为第 3 次,方块为第 4 次.为清晰起见,坐标采用对数坐标.模板每更新一次,我们可得到一条目标函数的趋势线,图 3 给出了模板迭代 4 次所得到的 4 条趋势线.从图中我们可以看出,每次迭代的收敛是比较快的,特别是在模板更新以后,由分割得到的模糊度矩阵的目标函数值已经较小,收敛速度也比初始模板快.但第 3 次、第 4 次的目标函数值及收敛速度和第 2 次几乎相同,以致在图上很难将三者分离开来.我们认为这是因为模板已经和实际结果差不多,所以再次聚类的目标函数变化不大.但这时在空间上各类的点集分割变化仍在进行,如果两类在空间上相邻,而特征值相近,则得到的分割结果变化更加明显.

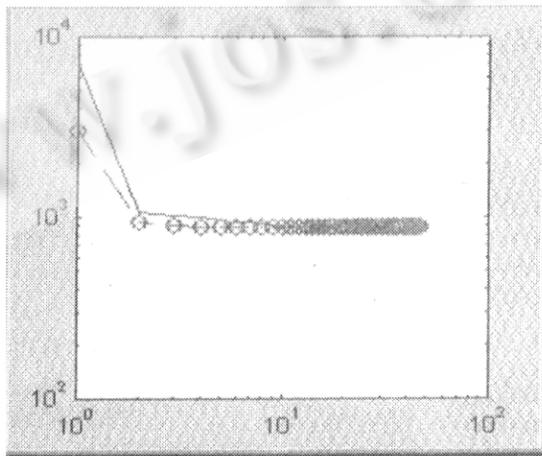


图 3 目标函数变化趋势图

4 结 论

本文提出了结合图谱匹配和模糊分割的一种自动 MRI 图像的分割标注。结果表明,引入形状因子的模糊分割能结合脑结构信息和实际图像的特征,实现 MRI 图像自动分割和标注,特别是脑中部的结构,如丘脑、壳、苍白体等的分割标注。但是,对于互相邻近且图像特征相同的区域,本方法也不能区分,对于这种情况,我们只能找到其合并后的外边缘和标注,但两区域之间的分界线只能是模糊的,这和人眼识别的效果是相同的。下一步的工作是提取更多的图像特征,如纹理属性,可进一步优化分割的结果和分割出更多的区域。本文提出的方法也适用于其他断层图像的分割标注,如脑的彩色切片图像、CT 图像等的自动分割标注。

参 考 文 献

- 1 Fu K, Mui J. Survey on image segmentation. *Pattern Recognition*, 1981,13(1):3~16
- 2 Li C, Goldgof D, Hall L. Automatic segmentation and tissue labeling of MR brain images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 1993,12(12):740~750
- 3 Liang Zheng-rong. Tissue classification and segmentation of MR images. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 1993,3(3):81~84
- 4 Petra A, van den Elsen *et al.* Medical image matching—a review with classification. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 1993,3(3):26~30
- 5 Talairach J, Tournoux P. *Co-planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain 3-dimensional Proportional System; An Approach to Cerebral Imaging*. New York; Georg Thieme Verlag, Stuttgart, 1988
- 6 Hohne K H, Pflesser B *et al.* A new representation of knowledge concerning human anatomy and function. *Nature Medicine*, 1995,1(6):506~511
- 7 Ackerman M J. The visible human project. National Library of Medicine, World Wide Web address: <http://www.nlm.nih.gov/>, 1995
- 8 Clark M C, Hall L O. MRI segmentation using fuzzy clustering techniques: integrating knowledge. World Wide Web address: <http://www.csee.usf.edu/>, 1995

Segmentation and Classification of MRI Based on FCM Clustering Algorithm and Computerized Brain Atlas

TAN Ou JIA Chun-guang LÜ Xu-dong DUAN Hui-long LÜ Wei-xue

(Department of Life Science and Biomedical Engineering Zhejiang University Hangzhou 310027)

Abstract An automatic segmentation and classification method of magnetic resonance image of human brain based on a computerized brain atlas-TT atlas is introduced in this paper. The algorithm could be divided into two steps. Firstly, the object brain dataset is registered with the TT atlas by a 3D image matching method. With the help of anatomy structure information of the computerized atlas, the brain image is segmented and classified coarsely. Secondly, the segmentation result is taken as the input of a fuzzy cluster segmentation. In order to use the anatomic structure information directly, a new fuzzy cluster method with a shape factor is introduced, the method is mostly and automatically except selection of some intrinsic point pairs for global linear matching method in the first step.

Key words MRI (magnetic resonance image), automatic image segmentation, image matching, brain atlas, FCM clustering, shape factor, visible human dataset.