



# 基于纹理分析的磁共振图象区域分割

罗立民 鲍旭东 田雪芹

(东南大学生物科学与医学工程系 南京 210096)

## 摘要

本文介绍了一种用于医学磁共振脑部图象中的主要解剖结构区域分割的纹理分析方法。利用纹理的二阶统计参数和局部分形维数，组成特征空间后，对象元进行两步分类：首先利用 K 平均方法进行二值决策分类，然后采用概率松弛方法获得象元对各类的隶属概率。

**关键词** 图象分割，纹理分析，分形维数，核磁共振图象

## 1 前言

核磁共振图象自从其问世就被广泛地用于临床诊断，然而其图象区域的自动划分和自动识别人体器官组织的解剖结构仍是一个有待解决的问题<sup>[1]</sup>，从图象的灰度分布来看，对于同一解剖结构的图象区域内部的灰度均匀性往往很差，简单的不连续性检测和基于灰度值的区域划分的分割效果一般来说都很差，尤其是从单谱的如 T1 图象出发的图象分析更多地需要人工介入，目前一般采用的是多谱图象数据即同时有对应的 T1 和 T2 或质子密度图象，各个图象突出描述了各自对应的组织物理性质，特征矢量往往由各个图象对应象元值组成。而单谱数据的特征矢量则借助于图象分析从原始数据中发掘出来。基于纹理相似度的区域划分方法更适合于核磁共振图象 (MRI) 数据，这种基于纹理分析的区域划分方法的一般原理为：从原始 MRI 数据出发，计算出统计参数矢量图象，在矢量空间分类及计算相关隶属概率。

纹理是一种视觉感知的图象局部特征的综合。对于非结构化纹理的描述，只能采用统计方法。这是一个较多研究的问题，已有不少应用于图象分割的方法<sup>[2]</sup>，有关纹理局部特征的选用应根据具体处理的对象而定，通过学习样本来选定，以获取理想或最佳的分割结果。在特征矢量图象获取之后，图象区域分割可归结为经典的模式识别的分类问题，即对图象元素进行对应各不同区域的类别划分。

本文在给出四个适合 MRI 数据分割的统计参量，结合局部分形维数和原始图象灰度值，组成一个 6 维特征矢量空间后，采用 K 平均方法将象元划分为若干类，利用松弛迭代方法进一步改善分类结果，求出各象元关于各预定类别(或区域)的隶属概率。初步的实

验表明,该方法可较好地分割人脑的<sup>7</sup>MRI 数据。

## 2 特征参数的计算

### 2.1 灰度共生矩阵和纹理的二阶统计特征

灰度共生矩阵作为描述图象灰度的空间相关性和空间分布特性的方法已被广泛采用,由此导出了许多有关纹理的二阶统计参数。为便于简便完整地描述灰度共生矩阵,采用了一种各向同性的共生矩阵,对多个 MRI 数据学习样本的实验比较,确定了下述四个由共生矩阵衍生的允许得到较好的分割结果的参量:

$$\text{均匀度} \quad \sum_m \sum_n P(m, n) / [1 + |m - n|] \quad (1)$$

$$\text{对比度} \quad \sum_q q^2 \left\{ \sum_{|m-n|=q} \sum_n P(m, n) \right\}, \quad (2)$$

$$\text{对角矩} \quad \sum_m \sum_n \sqrt{0.5 |m - n| P(m, n)} \quad (3)$$

$$\text{最大灰度值概率} \quad P(s) = \max_m \left\{ \sum_n P(m, n) \right\} \quad (4)$$

其中  $m$  和  $n$  可作为参量坐标的有序灰度值。

### 2.2 分形维数及纹理

由分形布朗运动的概念出发<sup>[3]</sup>, 可得出分形布朗运动表面满足的高度差均值和位置差关系。理论上讲, 一个完全分形的表面的分形维数与分析尺度  $\Delta r$  无关。然而实际表面只在某个给定的尺度范围内为分形, 图象分辨率给出了该尺度的下限  $\Delta r_{\min}$ , 而所分析的物体大小决定了其上限  $\Delta r_{\max}$ :

$$\log(E\{\Delta I(\Delta r)\}) = H \cdot \log(\Delta r) + \text{常数} \quad (5)$$

其中, 位置差为  $\Delta r = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2}$ , 高度差绝对值为  $\Delta I(\Delta r) = |I(x_2, y_2) - I(x_1, y_1)|$ 。因此, 其分形维数为  $D_s = 3 - H$ , 其中  $H$  为 Hurst 系数,  $H \in [0, 1]$ 。由(5)式可计算出局部分形维数。

## 3 数据的非监督分类

由灰度共生矩阵衍生出的四个二阶统计参数加上分形维数和原始图象灰度值, 组成一个 6 维的特征空间, 由一个特征矢量图象表示。其分量图象如图 1 所示。对 MRI 数据分割是在以上特征空间中将各原始象元划分为  $N$  组对应于不同的解剖结构区域。由计算机断层成象的特点, 区域间边界处象元归属难以用二值描述, 只能计算其对边界两边区域的隶属程度或概率。因此, 第一阶段分类结果被用来作为第二阶段的松弛迭代过程的输入, 最后的结果为一幅表征对应象元关于  $\Lambda$  个类别或区域的隶属概率的矢量图象。

### 3.1 象元的聚集分组

该阶段的处理为非监督分类提供必要的初始统计信息, 我们采用  $K$  平均方法思想。在初始化阶段, 结合所处理的图象数据特点, 利用特征均值和标准差求取一个二维直方图, 选取  $N$  个峰值作为对应群集中心; 在划分阶段, 采用回归算法迭代修正各象元对  $\Lambda$  组

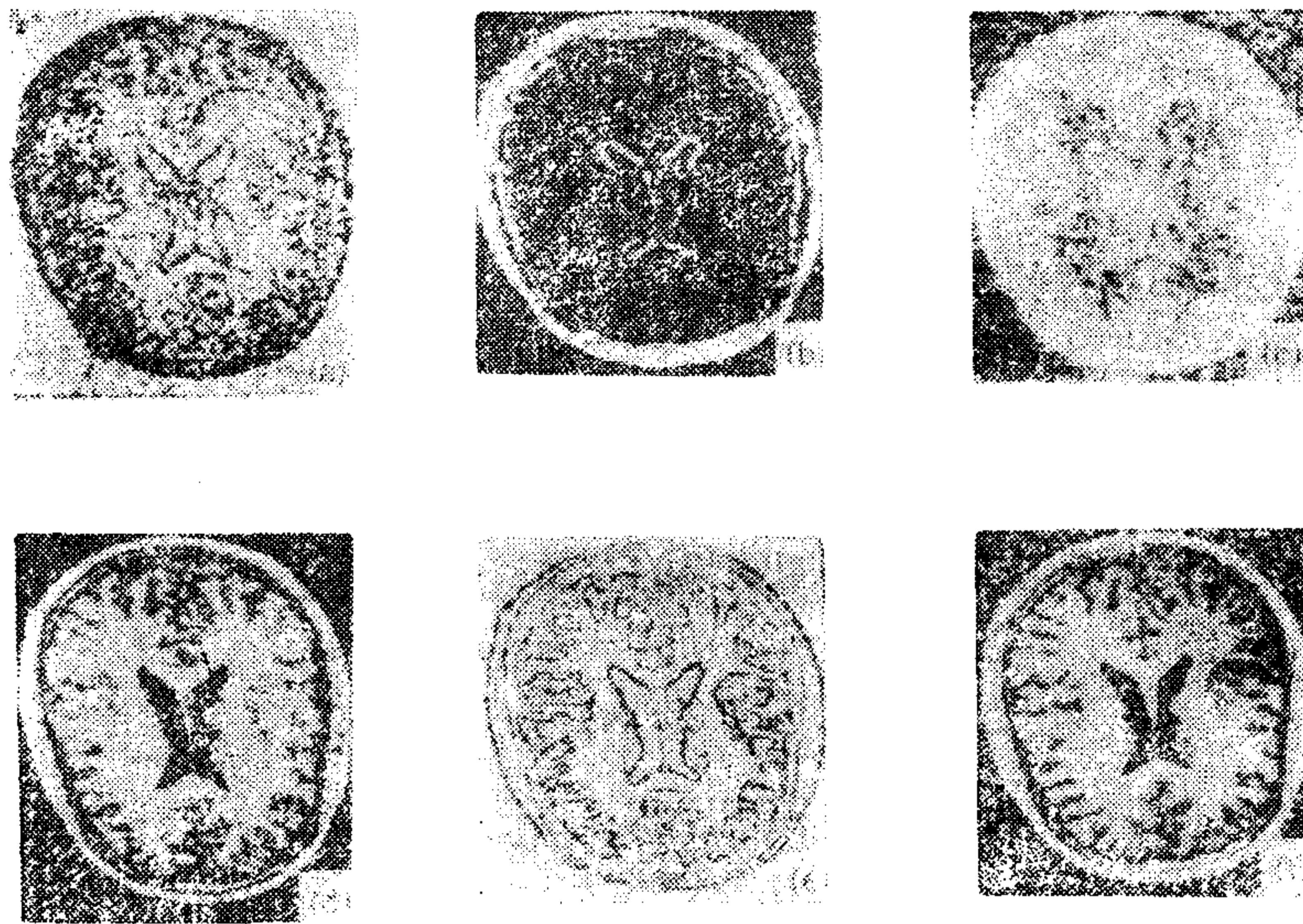


图 1 各纹理参数图象

a-均匀度 b-对比度 c-对角矩 d-最大灰度值概率 e-分形维数  
 $(\Delta r_{\min} = 1, \Delta r_{\max} = 5)$  f-原始图象

的隶属：

- S1. 初始化过程选定各群集的初始分类中心；
- S2. 直方图按均值分块将象元划分为  $N$  群集；
- S3 利用特征空间中象元与各群集中心的欧氏距离测度(最小化)重组象元；
- S4. 重新计算各群集中心；
- S5. 若收敛，则输出为  $\Lambda$  组标记象元集合；否则，S3 和 S4。

### 3.2 象元分类的概率松弛

该阶段的处理将群集分组阶段的二值决策结果变换为象元对各组的隶属概率。概率松弛是一个迭代过程，利用上下文有关信息来减小分类标记的局部歧义性。有关算法较多，这里采用 Peleg<sup>[4]</sup> 方法，算法步骤如下：

- S1. 对  $\Lambda$  组计算初始概率

$$P_j^{(0)}(\lambda) = P_j(\lambda | X_j) = \frac{p(X_j | \lambda) \cdot P(\lambda)}{\sum_k p(X_j | \lambda) \cdot P(\lambda)} \quad (6)$$

- S2. 计算相容系数

$$r_{i,i+\delta}(\lambda, \lambda') = \bar{P}_{i,i+\delta}(\lambda, \lambda') / [\bar{P}(\lambda) \bar{P}(\lambda')] \quad (7)$$

- S3. 迭代过程中依贝叶斯决策理论重新计算各象元的概率  $P_i^{(k+1)}(\lambda)$ ，

$$\begin{aligned} q_{i,i+\delta}^{(k+1)}(\lambda) &= S_{i,i+\delta}^{(k+1)}(\lambda) / \sum_{\lambda' \in \Lambda} S_{i,i+\delta}^{(k+1)}(\lambda') \\ S_{i,i+\delta}^{(k+1)}(\lambda) &= \sum_{\lambda' \in \Lambda} \bar{P}^{(k)}(\lambda) \bar{P}^{(k)}(\lambda') r_{i,i+\delta}(\lambda, \lambda') \\ P_i^{(k+1)}(\lambda) &= (1/8) \sum_{\delta \in \Delta} q_{i,i+\delta}^{(k+1)}(\lambda), \quad \lambda \in \Lambda \end{aligned} \quad (8)$$

- S4. 重复 S3，直至收敛条件满足或迭代次数大于某个给定值。

## 4 实验结果讨论

实验中对以下五类区域进行划分, 脑灰质结构 ( $C_1$ ), 图象背景 ( $C_2$ ), 皮层及脂肪 ( $C_3$ ), 脑脊膜及骨结构 ( $C_4$ ) 和脑白质结构 ( $C_5$ )。对纹理参数的计算采用了  $5 \times 5$  窗口, 而分形维数的计算中,  $\Delta r_{\min} = 1, \Delta r_{\max} = 5$ 。 $K$  平均算法中初始值的选取很重要, 对分类结果和收敛速度都有影响。在变换空间中对不同类别中心的分析要比对集群数的分析更可靠。对于同类图象, 还可以将此作为分类系统的先验知识, 以加快处理中的初始化过程。图 2 给出了对 MRI 数据的最终划分结果中五类区域在直方图上的位置。

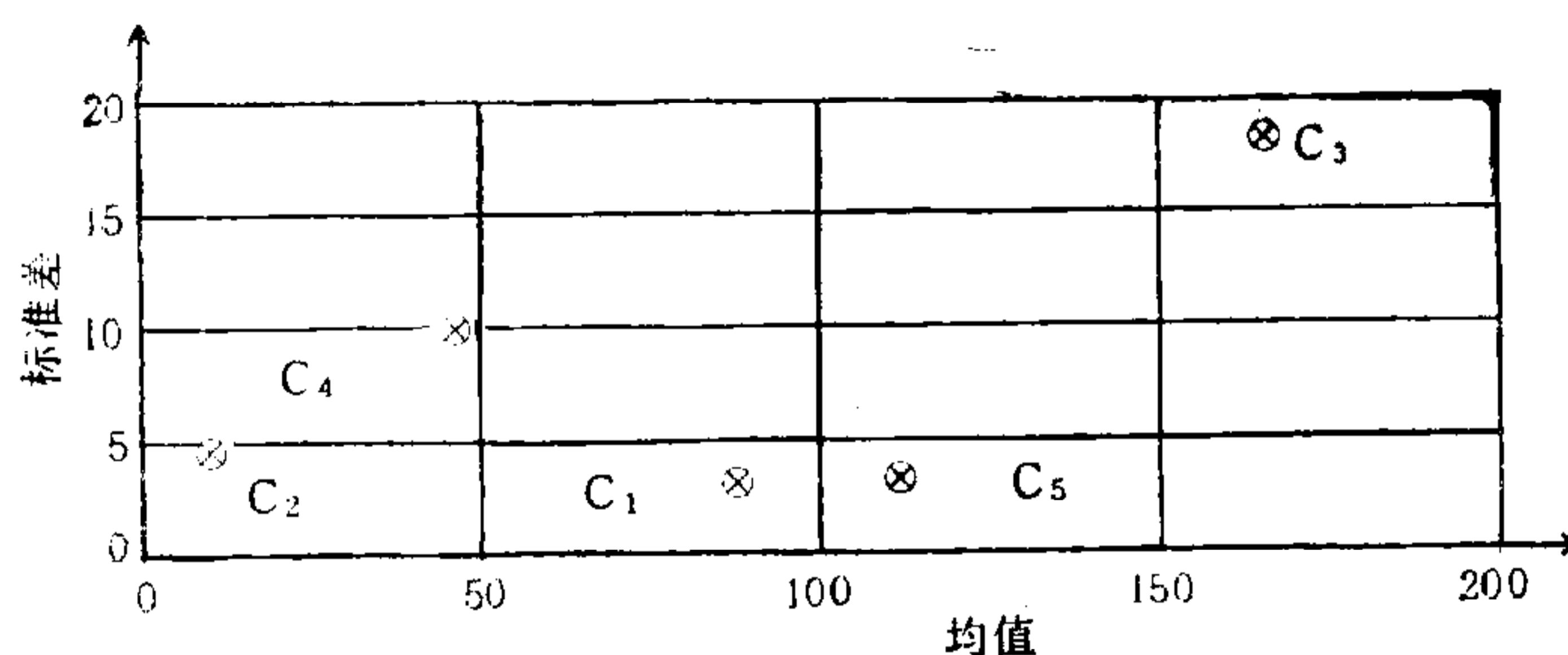


图 2 五类区域在二维直方图上的位置(最终划分)

表 1 给定 5 个初始组时的群集分组

| 类别    | 象元数目   | 原始数据均值 | 均值矢量平均 | 标准差均值  |                    | 象元数目   | 原始数据均值 | 均值矢量平均 | 标准差均值 |
|-------|--------|--------|--------|--------|--------------------|--------|--------|--------|-------|
| $C_1$ | 163787 | 86.973 | 88.816 | 1.843  |                    | 164885 | 84.216 | 86.558 | 2.342 |
| $C_2$ | 370162 | 5.585  | 9.723  | 4.137  |                    | 373235 | 5.692  | 9.88   | 4.187 |
| $C_3$ | 32508  | 182.77 | 165.99 | 16.781 | 误差 0.01<br>2 次迭代收敛 | 27624  | 188.25 | 170.66 | 9.384 |
| $C_4$ | 128574 | 42.169 | 51.126 | 8.957  |                    | 113650 | 40.372 | 49.756 | 9.384 |
| $C_5$ | 111565 | 119.05 | 117.40 | 1.647  |                    | 127100 | 119.20 | 117.04 | 2.158 |

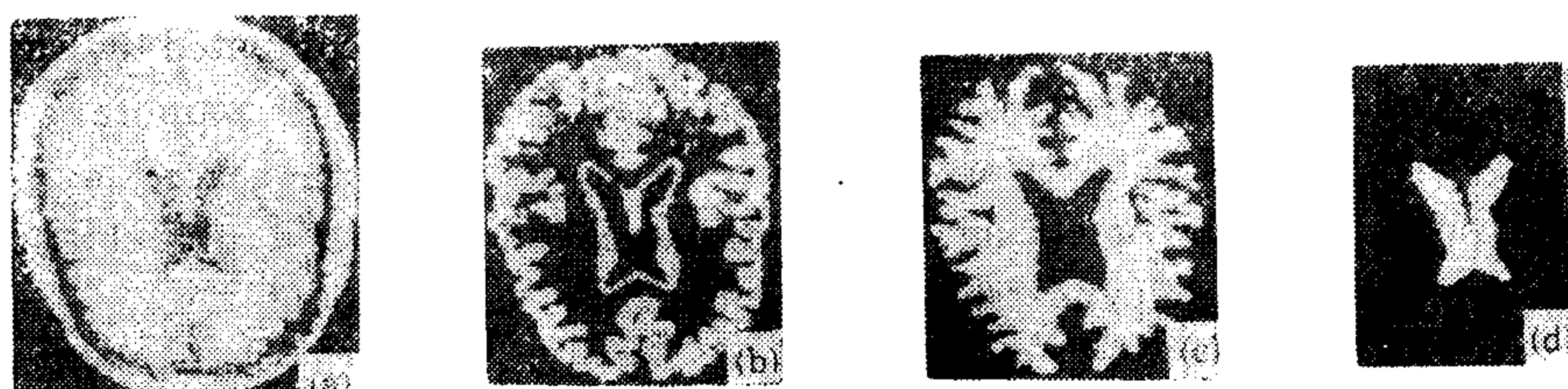


图 3 分类结果(二维形式)  
(a)-5 类隶属概率图象 (b)- $C_1$  结构 (c)- $C_5$  结构 (d)-侧脑室结构

通过选取适当阈值在直方图上选定若干个初始群集。在实验中，对群集分组的不同初始组个数进行了测试，如选取 8 个初始组，群集分组后再对一些组进行融合，以形成 5 个最终群集。然而，直接选取 5 个初始组群集，其 K 平均分类中，收敛更快。

限于实验条件，仅对二维图象进行处理，其三维扩展亦较直接，差别仅在于纹理参数的计算：对于灰度共生矩阵的计算，第三个中间矩阵用于在第三维方向上的计算；分形维数为  $D_f = 4 - H$ 。图 3 给出了分类结果图象的举例。

该工作的目的在于对脑部 MRI 图象数据中各主要解剖结构进行自动标记。统计分析为单谱 MRI 数据提供了一个强有力手段，它从图象中提取出若干个有用特征信息，并将其综合运用，以提高划分能力。利用多特征形成的空间中进行非监督分类，使得方法的自动程度提高。我们所提出的方法在对一组较大样本的图象的处理结果证实了其可行性和有效性。

### 参 考 文 献

- [1] Coatrieux J L, Toumoulin C, Hamon C et al. Future Trends in 3D Medical Imaging. *IEEE Eng. Med. Bio. Magazine*, 1990, 9(4):33-39.
- [2] Fung P W, Grebbin G, Attikiouzel Y. Contextural Classification and Segmentation of Textured Images, Proc. ICASSP'90, 1990, 4:2329-2332.
- [3] Chen C C, Daponte J S, Fox M D. Fractal Feature Analysis and Classification in Medical Imaging. *IEEE Trans. Med. Imaging*, 1989, MI8(2):133-142.
- [4] Peleg S. A New Probabilistic Relaxation Scheme. *IEEE Pattern Anal. & Machine Intell.* 1980, PAMI-2(4):362-369.

## REGION SEGMENTATION BASED ON TEXTURE ANALYSIS IN MRI DATA

LUO LIMIN BAO XUDONG TIAN XUEQIN

(Department of Biology and Medical Engineering, Southeast University Nanjing 210096)

### ABSTRACT

In this paper, a texture analysis method for medical MRI region segmentation is presented, aimed at discrimination of macro anatomical structure in the cerebral image data. Four second-order statistical texture parameters, computed by using an isotropic gray-value concurrence, and the local fractal dimension compose a feature space, then a two-step classification procedure is applied to this space: a K-Means method is firstly used for obtaining binary-decision and follows a probabilistic relaxation for computing the membership probability of each voxel.

**Key words:** Image segmentation, texture analysis, fractal dimension, nuclear magnetic resonance image (MRI)