

基于链码的心血管图象匹配技术

辜 嘉

(中国科学院深圳先进技术研究院 深圳 518055)

摘 要 本文采用了一种基于链码的匹配技术来完成心血管的提取和重建, 我们通过基于知识的计算机高级视觉技术, 利用链码理论对已获取的血管中轴和轮廓线进行编码, 从而建立起其间的对应关系, 并用于后期的三维重建。我们首先对模式识别中链码的串匹配算法作一个简要介绍, 并详细分析讨论了其中的关键难点: 编码、代价函数、归一化的链间距离, 使其能够适用于我们的工作。我们分别用仿真数据和实际心血管图象进行实验, 并使用标准公式进行评估。结果表明我们方法的正确性, 并给出了初步重建的结果。

关键词 链码; 串匹配; 心血管造影图; 重建

Matching Technique of Vascular Segments in Coronarographic Image By Means of Chain Code

GU Jia

(Shenzhen Institutes of Advanced Technology, Chinese Academy of Sciences, Shenzhen 518055)

Abstract A method aimed at the formation of intermediate and high level primitives in angiographies, i.e. vessel segments and branches, is reported. The pairing of vessel contours and centrelines is performed using attributed string matching techniques. After a brief review of string-matching technique, some key elements involved in these algorithms for imaging applications: chain encoding, cost function, normalized edit distance are proposed and analyzed. Their performances are compared on simulated data by means of subjective and objective criteria and further evaluated on coronarographic images.

Keywords chain code; string matching; coronarographic image; reconstruction

1 引 言

在诊断和治疗心血管疾病临床实践中, 借助计算机对心血管造影图对的三维重建处理, 为医生提供了一个从任何角度观察血管的三维结构, 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, 从而帮助诊断和治疗。但长期以来, 由于各帧图象之间血管的交叉和相互遮挡, 以及分叉点的难以确

定导致的错配, 使其成为计算机视觉中的难点。

目前已有很多方法用于血管的结构描述, 它们大致可以分为两类: 基于边界轮廓的结构描述; 基于中轴线的结构描述。但这些方法大多只包含了局部结构信息, 从而使得难以重建出血管的结构。本文介绍的方法是通过获取的二维心血管造影图对进行结构提取, 得到血管的全局描述——二叉树结构, 树的每个元素由一个三元组 (Triplet) 组成 (两条边界线和中轴), 然后对已获取的血管中轴和轮廓线利用链码

辜嘉, 中国科学院深圳先进技术研究院研究员、博士生导师、IEEE高级会员。2005年于法国雷恩大学获博士学位, 并获大使馆奖学金。曾于韩国三星研究所和美国STI进行科研工作, 承担美国军方项目和NIH项目。2008年作为海外人才引进中国科学院深圳先进技术研究院, 目前主持国家自然科学基金、中科院重点方向性项目多项、广东省自然科学基金面上项目和深圳市重点实验室提升项目, 获得2009年、2010年高交会优秀产品奖, 承担973项目二项、国家自然科学基金重点项目和其他院地合作项目。且是IEEE Transactions on Medical Imaging、IEEE Transactions on Information Technology in BioMedicine、Dove medical press和中国图象图形学报审稿人、广东省产学研部评审专家、深圳南山科技局项目评审专家、《十二五规划》医疗器械小组成员。发表论文六十余篇。

理论进行编码, 进而通过链码匹配技术建立起其间的对应关系, 并用于后期的三维重建。

在下面的篇幅中, 我们首先介绍链码匹配的基本思想和主要算法, 然后重点介绍如何利用链码匹配建立全局的对应关系, 在结果分析中我们分别用仿真数据和实际心血管图象进行实验, 并使用标准公式进行评估。最后我们给出了初步重建的结果。

2 链码匹配

链码匹配算法首先被用于文本比较, 但由于对链状结构描述上的优越性, 它被广泛应用于模式识别领域中^[1,2,3]。本节中我们将介绍Wagner和Fischer引入的串匹配算法。

假设在一个给定字符集上有两个字符串A和B, 我们定义A和B的链间距离为序列S的一个最小权重, 其中S包含了将A变换为B的每一个操作, 允许的基本操作包含且仅包含三类: (1) 插入一个字符到串的指定位置; (2) 删除串的指定位置的一个字符; (3) 替换串的指定位置的一个字符。相应的, 每一个 S_i 根据事先的约定, 被分配了一个权重, 在这里我们称之为代价函数 γ , 从而, 序列 $S = S_1 S_2 \dots S_m$ 的代价函数为:

$$\gamma(S) = \sum_{i=1}^m \gamma(S_i) \quad (1)$$

因此, 链间距离由(2)式表示:

$$\delta(A, B) = \min \{ \gamma(S) \} \quad (2)$$

显而易见, 我们由此得到以下递归关系:

$$\delta(A_i, B_j) = \min \{ \delta(A_{i-1}, B_j) + \gamma(A_i \rightarrow \lambda), \delta(A_{i-1}, B_{j-1}) + \gamma(A_i \rightarrow B_j), \delta(A_i, B_{j-1}) + \gamma(\lambda \rightarrow B_j) \} \quad (3)$$

其中 λ 为空字符, $|\lambda|=0$, ($|A|$ 为A的长度, 以下相同, 不作注释, $\gamma(A_i \rightarrow \lambda)$, $\gamma(A_i \rightarrow B_j)$, $\gamma(\lambda \rightarrow B_j)$ 分别代表删除、替换和插入操作。

这是一个极小化问题, 为了将该问题进一步简单化, 我们将链间距离用“迹”(Traces)来描述, 字符串A和B之间的“迹” T_{AB} 为由一个有序的整数对 (i, j) 序列组成, 其中 (i, j) 满足条件1:

$$(1) \quad i=1 \dots |A|; \quad j=1 \dots |B|;$$

(2) 对于 T_{AB} 中的任意两个整数对 (i, j) 和 (i', j') , $i < i' \Rightarrow j < j'$, “迹”就象一个路径, 由左边的顶端走到右边的顶端, 而且不可能交叉。(为直观起见, 读者可以参考图1)

T_{AB} 的代价函数定义为:

$$\text{Cost}(T) = \sum_{i,j \in I} \gamma(A_i \rightarrow B_j) + \sum_{i \in I} \gamma(A_i \rightarrow \lambda) + \sum_{j \in J} \gamma(\lambda \rightarrow B_j) \quad (4)$$

读者不难看出, 该代价函数的三项分别表示替换, 删除, 插入的权重。Wagner和Fischer在^[4]中得到了关于“迹”的一个重要性质, 他们认为字符串A和B的链间距离 $\delta(A, B)$ 等于A和B之间“迹”的最小代价函数, 并且当满足条件2时, 它们之间的对应关系, 或称最长相似子序列(Longest Common Sequences, LCS)可以由“迹”中的整数对 (i, j) 表示:

$$(1) \quad \text{如果, } A_i = B_j, \gamma(A_i \rightarrow B_j) = 0$$

$$(2) \quad \text{如果, } A_i \neq B_j, \gamma(A_i \rightarrow B_j) = \gamma(A_i \rightarrow \lambda) + \gamma(\lambda \rightarrow B_j)$$

在第3节可以看出, 我们的应用满足这一条件。

式(3)可以通过Wagner-Fischer算法^[4]进行迭代计算, 其计算复杂度为 $O(|A| \times |B|)$, 限于篇幅, 在此不作详细介绍。

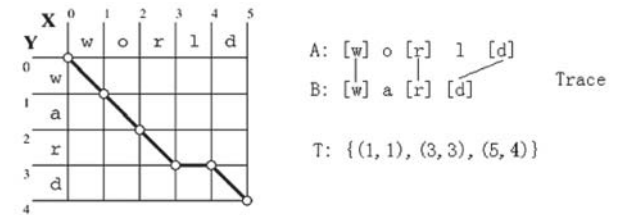


图1 Wagner-Fischer算法示例。(左图中的路径代表了字符串X和字符串Y的对应关系, 水平的路径表示删除变换, 垂直的路径表示插入变换, 对角线的路径表示替换变换)

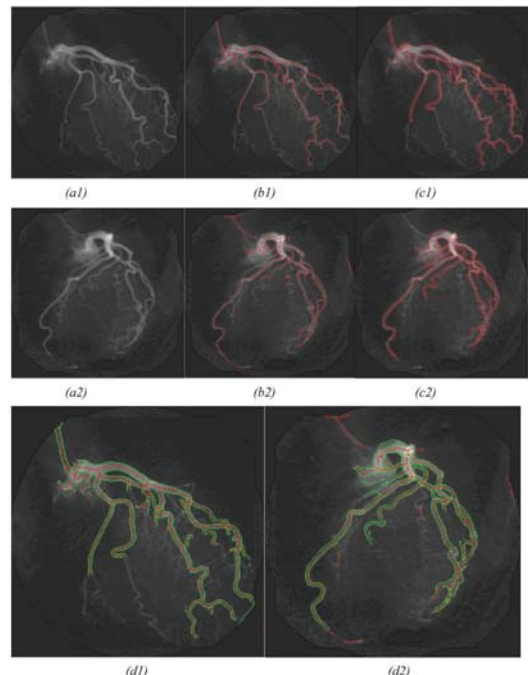


图2 原始心血管造影图对(a1, a2): 右视图和左视图; 经过matched filter得到的(b1, b2): 相应的中轴(c1, c2)相应的边界线; 自适应聚类后的结果(d1, d2)

3 心血管提取和重建

我们首先通过matching filter对心血管造影图像进行分割^[5, 6]，对每一个原始心血管造影图得到相应的中轴对和边界线对，并将其分离为符号化的数字曲线，然后利用自适应聚类技术^[7]获得血管的树状结构（图2）（该工作分别由东南大学影像实验室的冒非（1997年）和法国Rennes第一大学信号与图象处理实验室Ruan完成（1991年），在此不作重复叙述）。通过Freeman编码，我们对每一条符号化的数字曲线，都可以得到一个相应的字符串，字符串中的字符由a, b, c, d, e, f, g, h组成，分别表示左、左上、上、右上、右、右下、下、左下八个方向，我们由此构造基本的代价函数：

(1) 替换：如果， $A_i = B_j$ ， $\gamma(A_i \rightarrow B_j) = 0$ ，如果 $A_i \neq B_j$ ， $\gamma(A_i \rightarrow B_j) = 2$

(2) 插入： $\gamma(\lambda \rightarrow B_j) = 1$

(3) 删除： $\gamma(A_i \rightarrow \lambda) = 1$

显而易见，我们的代价函数满足条件2，根据Wagner和Fischer的算法，我们可以通过计算最小化“迹”的代价函数获得两条曲线之间的对应关系（图4）。

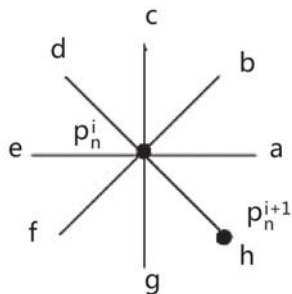


图3 Freeman编码（a-h 8个字符代表8个方向）

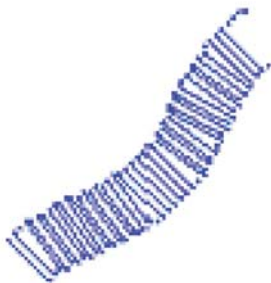


图4 两条曲线之间的对应关系（相应的两个象素点用线段相连）

由此我们可以建立起曲线之间逐点的对应关系，并依据图2（d1, d2）中得到的树状结构，自顶而下做广度搜索，对每一条分支血管，构造一个三元组（Triplet：两条边界线和中轴），然后利用三元组之间逐点的对应关系绘制出二维心血管结构（图5）。

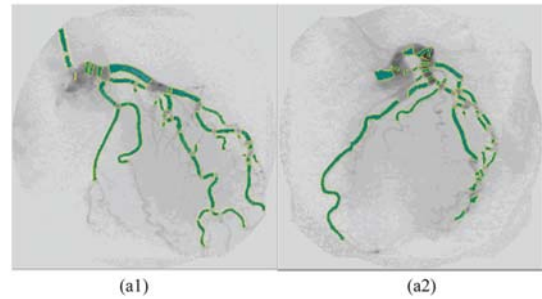


图5 二维心血管结构——三元组（Triplet）匹配的结果（两条边界线和中轴），（a1：右视图，a2：左视图）

进一步的工作可以根据现有的曲线之间的对应关系，继续利用计算机视觉中的双目视觉技术重建出三维的血管（图6）（该工作由法国Rennes第一大学信号与图象处理实验室Rong完成（1994年），在此仅给出实验结果，不作详细叙述）。

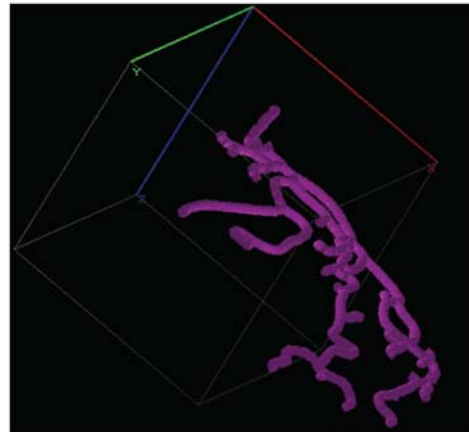


图6 心血管三维重建的结果

从直观视觉上看，我们的算法是正确的，但仅此是不够的，为了定量的评估我们匹配算法的好坏，我们给出了以下定量评估的标准：

在我们看来，一个“好”的匹配必须满足以下四个条件：

(1) 连接两个对应点的直线段（“迹”）应该尽可能的平行，并且应该尽可能的与曲线在当前点的切线相垂直；

(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，以便能够更好的描述血管的结构；

(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：

局部指标：

(1) “迹”长度（直径）的浮动变化，这个指标反映了两条曲线的平行程度：

$$c_{np}^1(s_n^i, s_p^j) = \left| \frac{d_n^i - d_p^j - \bar{d}_{np}}{\bar{d}_{np}} \right| \quad (5)$$

其中 $\bar{d}_{np} = \frac{1}{l_{np}} \sum_{(i,j) \in Trace} |d_n^i - d_p^j|$, 为“迹”长度的平均值。

(2) “迹”夹角的对称性, 这个指标反映了“迹”与曲线的垂直程度:

$$c_{np}^2(s_n^i, s_p^j) = \begin{cases} |\cos \alpha_n^i - \cos \alpha_p^j| & \text{if } \theta_{i,j} < \theta_T \\ 2.0 & \text{otherwise} \end{cases} \quad (6)$$

这两个指标理论上越小越好, 在理想情况下(两条曲线形状完全一致)应该等于0, 但由于曲线对出现的形状有多种可能(图7), 我们仅用局部的指标做为参考, 我们认为 $c_{np}^1(s_n^i, s_p^j)$ 和 $c_{np}^2(s_n^i, s_p^j)$ 在1.0范围内是可以接受的。

全局指标:

(1) 全局一致性系数:

$$C_{np}^r = \frac{1}{l_{np}} \sum_{(i,j) \in Trace} c_{np}^r(s_n^i, s_p^j) \quad (7)$$

其中 l_{np} 为匹配点的个数。

这个指标理论上越小越好, 但很大程度上取决于曲线对的形状, 例如图7中的例1和例3得到的指标较小, 而例2和例4得到的指标则较大, 我们仍以1.0作为忍受范围。

(2) “迹”的密度:

$$C_{density} = \frac{2l_{np}}{l_n + l_p} \quad (8)$$

这个指标越大, 表明“迹”的分布越密, 对应关系越明确, 理想情况下应该接近1。

(3) 归一化的链间距离:

$$\delta_N'(S_n^i, S_p^j) = \left[\frac{D(s^*, i_d, j_d) - D(s^*, i_1, j_1)}{l_n + l_p - s^*} \right] \quad (9)$$

其中 s^* 为最小化后的S。

这个指标是最主要的评价标准, 也是我们求解最小化问题的目标函数, 越接近0, 表明两条曲线的相似程度越高, 由于曲线对出现的形状有多种可能(图7), 我们一般认为当 $\delta_N'(S_n^i, S_p^j) > 0.5$ 时, 两条曲线已经达到了良好的匹配。

4 仿真数据分析

根据第3节的方法, 我们对仿真图象进行了匹配, 并进行了定量的数据统计, 为了具有代表性, 我们分析了四种较为典型的曲线对(图7), 每种随机选取20个例子, 作为我们的样本。

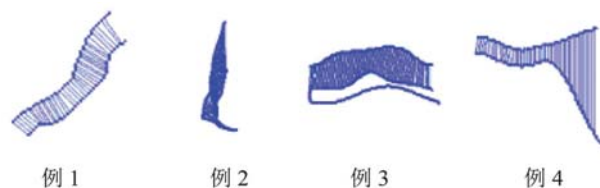


图7 4种典型的曲线匹配情况的实验结果(利用Wagner-Fisher算法得到)

我们利用Wagner-Fisher算法, 并对所得到的匹配结果用直径的浮动性 $c_{np}^1(s_n^i, s_p^j)$ 、夹角的对称性 $c_{np}^2(s_n^i, s_p^j)$ 、全局一致性系数 C_{np}^r 、平均密度 $C_{density}$ 、归一化的链间距离 $\delta_N'(S_n^i, S_p^j)$ 5项指标进行评估, 结果列在表1。实验的结果表明, 对这四种典型的情况, 我们算法的各项指标均显示良好的性质, 而这也正与我们的直观感觉一致。

表1 “迹” $T(S_n, S_p)$ 的定量评估

评价指标	直径的浮动性	夹角的对称性	全局一致性系数	平均密度	归一化的链间距离
	$c_{np}^1(s_n^i, s_p^j)$	$c_{np}^2(s_n^i, s_p^j)$	C_{np}^r	$C_{density}$	$(\theta_T = 90^\circ) \delta_N'(S_n^i, S_p^j)$
例1	0.1266	0.22	0.23	0.7727	0.3704
例2	0.3886	0.7387	0.6793	0.7451	0.4062
例3	0.0367	0.2767	0.29	0.9212	0.1461
例4	0.4036	0.5701	0.7350	0.7711	0.3725

5 结论

本文采用了一种基于链码的匹配技术来完成心血管的提取和重建, 我们通过基于知识的计算机高级视

觉技术, 对已获取的血管中轴和轮廓线利用链码理论进行编码, 从而建立起其间的对应关系, 并用于后期的三维重建。

我们首先介绍了链码匹配的基本思想和主

要算法，并详细讨论了一种串匹配算法——Wagner&Fischer算法，分析讨论了其中的关键难点：编码，代价函数，归一化的链间距离，使其能够适用于我们的工作。我们分别用仿真数据和实际心血管图象进行实验，提出并使用标准公式进行评估。实验结果和数据分析表明我们方法的正确性，并给出了初步重建的结果，使得人们得以对心血管的整体结构有一个直观认识。

参 考 文 献

- [1] Sarkar S, Boyer K. Perceptual organization in computer vision: a review and a proposal for a classificatory structure [J]. IEEE Trans. Syst., Man, and Cybernetics, 1993, 23 (2): 382-399.
- [2] Herauld L, Horaud R. Figure-ground discrimination: a combinatorial optimization approach [J]. IEEE Trans. Pattern Anal. Machine Intel, 1993, 15: 899-914.
- [3] Ullman S. High level vision: object recognition and visual cognition [M]. MIT Press, 1997.
- [4] Wagner R A, Fischer M J. The string to string correction problem [J]. J. ACM, 1974, 21:168-173.
- [5] 罗立民, 冒非.基于造影图对的三维重建显示 [J].东南大学学报, 1997,20(4).
- [6] 冒非, 罗立民, 鲍旭东.血管数字减影图象中的结构特征提取 [J].电子学报, 1995,11.
- [7] Toumoulin C, Mao F. Spatio-temporal grouping for the formation of vascular segments in coronarography image sequences [J]. Technology and Health Care, 1997.