

连续切片三维空间中的二值离散群体检测

张家树

(西南师范大学物理系 重庆 630715)

李时光

(重庆大学无线电系 重庆 630044)

摘要 本文给出了物体的三维矩描述,提出了连续切片三维空间中的二值离散群体的相似矩匹配检测方法和微机实现途径。理论分析和实验结果均表明,相似矩匹配检测法不仅极大地减少了三维二值离散群体检测对计算机内存的需求,且具有实现容易、计算量小、准确率高等优点。

关键词 模式识别,矩描述子,相似矩匹配检测

1 前言

量化和立体结构研究是当代生物医学形态科学发展的重要方向。随着整个生命科学的发展、形态和功能研究的增强以及计算机技术的飞速发展,用计算机技术直观地、精确地、原位展示被研究对象的三维空间构型的要求日益迫切。生物组织的计算机三维重建显示正是应这种日益增强的需求在近二十几年建立和发展起来的。单个组织或物体的三维重建显示渐趋成熟^[1-4],现已开始对多个组织或物体的计算机三维同时重建进行研究^[5,6]。重建显示的结果图象为研究生物组织的形状与功能间的关系只提供了视觉上的定性关系,而与空间构型显示具有同样重要意义的三维参数的定量分析,迄今为止只能测定单个组织或物体的表面积、体积等参数,而对连续切片图象中存在的多个同类颗粒的数目、每个颗粒的体积、表面积、直径、中心位置、曲率和颗粒间距等三维参数的自动测定,尚未见到有关报道。目前这些参数的测定主要是基于拓扑学理论的体视学方法从二维切片图象的计量中进行人工推算^[7],不仅工作量大,推算结果还依赖于人的主观判读情况,精度、准确率不高,迫切需要借助计算机进行自动测定。多个组织或物体的三维参数计算机自动测定中最关键的难题是如何从连续切片图象中有效地检测出同一个体的所有截面和正确地对个体的排序,这也是生物组织群体连续切片中任意个体的计算机三维重建的关键所在。本文以配准了的人胎儿肠道肌间神经元胞体群体的连续切片图象为例,探讨了连续切片图象定义的三维空间中二值离散群体的有效检测,提出了相似矩匹配检测方法。经

1992-07-07 收到,1993-06-14 定稿

张家树 男,1965年生,讲师,主要从事生物医学图象处理、三维重建及模式识别方面的研究工作。

李时光 男,1933年生,教授,现主要从事图象处理与分析、ICT 成象及三维重建方面的研究工作。

过大量的实践证明,这一方法简单易行、检测精度高,且为群体连续切片中任意个体的三维重建的微机实现提供了一种有效途径。

2 切片图象的输入和校准

2.1 切片图象的输入和光强校正

经染色处理后的切片图象按从前到后顺序依次通过摄像机输入计算机。不可避免地存在光强不均匀现象,而光强的位置函数往往难以获得。此时可在相同输入条件下,输入一背景图象来代替光强的位置函数进行光强校正。设 IA 为切片图象, IB 为背景图象, IC 为校正后的切片图象,则有:

$$ic(i, j) = \text{avg} \times \frac{ia(i, j)}{ib(i, j)}, \quad (1)$$

式中 $\text{avg} = \frac{1}{N \times N} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N ib(i, j)$; $ia(i, j), ib(i, j), ic(i, j)$ 分别为 (ij) 点上的灰度值。

经 (1) 式处理后的图象中各区域的灰度分布更趋一致。简单的门限判别即可得到二值化后的切片图象。

2.2 切片配准

由于摄像输入切片时不可避免地存在位移、旋转等几何变形。为使切片样本集的各样本恢复其在组织块中原来的位置关系,必须使它们逐片校准。配准的基准点是组织切片时通过微电极或激光打孔在每张切片上留下的两个对位基准孔。设第 i 个样本的两基准孔中心坐标分别为 (X_{i1}, Y_{i1}) 和 (X_{i2}, Y_{i2}) 。现以第一个样本切片的基准点 (X_{11}, Y_{11}) 为整个切片样本集校准的基准点,以 (X_{11}, Y_{11}) 和 (X_{12}, Y_{12}) 的连线与 X 轴夹角 α_0 为方位基准。具体校准步骤:首先是进行距离校准,若校准前坐标为 (X_{ij}, Y_{ij}) ,则校准后坐标应为: $X_{ij} = X_{ij} - X_{i1} + X_{11}$, $Y_{ij} = Y_{ij} - Y_{i1} + Y_{11}$;其次进行旋转校准,若第 i 个样本两校准孔中心连线与 X 轴夹角为 α_i ,该样本上点 (X_{ij}, Y_{ij}) (已作距离校准)与基准点的距离为 Y_{ij} ,则将被校准点以 Y_{ij} 为半径,绕基准点 (X_{11}, Y_{11}) 旋转 $(\alpha_i - \alpha_0)$,即完成旋转校准。

3 相似矩匹配检测原理

3.1 三维物体的矩描述

在二维数字图象中,矩是一个用于区域描述的描述子,它具有几何失真度小的特点。矩描述子是利用灰度分布的各阶矩来描述灰度分布特性。根据唯一性原理,矩序列 m_{pq} 与图象 $f(x, y)$ 之间能唯一地相互确定^[8]。矩定义如下:

$$m_{pq} = \sum_x \sum_y x^p y^q f(x, y). \quad (2)$$

可将(2)式扩展到三维空间以描述物体体元之间的连接特性。设 $f(x, y, z)$ 为物体 O_i 的

体元特征, 则物体的三维空间矩描述子定义为

$$m_{pqr} = \sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} x^p y^q z^r f(x,y,z). \quad (3)$$

显然 0 次矩 m_{000} 是物体 O_i 的特征总和。对二值描述的物体特征, m_{000} 表示对应物体的体元个数(即体积), 1 次矩 $m_{100}, m_{010}, m_{001}$ 用 m_{000} 归一化后, 得物体 O_i 的质心坐标 (x_{ic}, y_{ic}, z_{ic}) :

$$\left. \begin{aligned} x_{ic} &= \frac{m_{100}}{m_{000}} = \frac{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} x f(x,y,z)}{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} f(x,y,z)}, \\ y_{ic} &= \frac{m_{010}}{m_{000}} = \frac{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} y f(x,y,z)}{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} f(x,y,z)}, \\ z_{ic} &= \frac{m_{001}}{m_{000}} = \frac{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} z f(x,y,z)}{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} f(x,y,z)}. \end{aligned} \right\} \quad (4)$$

对离散的三维二值密实群体(即物体 O_i 与 O_j 之间互不连接), 同一个体中任意两个体元之间, 总存在一定的连接通路, 而不同个体的体元间显然不存在这样的连接通路, 则(4)式能唯一地将多个离散群体分割开。

3.2 连续切片三维空间中物体截面的矩描述

在连续切片定义的三维空间中, 设对物体的切片操作垂直于 z 轴, 切片的截面为 z 平面, 则每个物体表示为一组对应的连续截面, 物体 O_i 在 z_k 平面上的截面三维质心坐标 $(x_{ic,z_k}, y_{ic,z_k}, z_{ic,z_k})$ 为

$$\left. \begin{aligned} x_{ic,z_k} &= \frac{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} x f(x,y,z) |_{z=z_k}}{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} f(x,y,z) |_{z=z_k}} = \frac{\sum_{x,y} \sum_{x \in O_i,z_k} x f(x,y)}{\sum_{x,y} \sum_{x \in O_i,z_k} f(x,y)}, \\ y_{ic,z_k} &= \frac{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} y f(x,y,z) |_{z=z_k}}{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} f(x,y,z) |_{z=z_k}} = \frac{\sum_{x,y} \sum_{x \in O_i,z_k} y f(x,y)}{\sum_{x,y} \sum_{x \in O_i,z_k} f(x,y)}, \\ z_{ic,z_k} &= \frac{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} z f(x,y,z) |_{z=z_k}}{\sum_{x,y,z} \sum_{x \in O_i} f(x,y,z) |_{z=z_k}} = z_k \end{aligned} \right\} \quad (5)$$

其中 O_{i,z_k} 表示物体 O_i 在 z_k 平面上的截面。(5)式表明, 物体 O_i 在 z_k 平面上的截面三维一阶归一化矩可用其截面区域质心 (x_{ic,z_k}, y_{ic,z_k}) 和 z_k 表示 ($k=1, 2, \dots, n$, n 为切片数)。相应地, 物体 O_i 可用一组相邻截面质心三维坐标 $(x_{ic,z_k}, y_{ic,z_k}, z_k)$ 唯一地确定。

3.3 相似矩匹配检测

在一幅二维数字图象区域的匹配检测中, 设两个区域的矩为向量 X_1 和 X_2 , 则二者间的相似性距离测度为

$$D(X_1, X_2) = \|X_1 - X_2\|^2 = \sqrt{(X_1 - X_2)^T (X_1 - X_2)}. \quad (6)$$

将未知区域的矩向量 X 代入(6)式, 即可进行判别检测, 即

$$D(X, X_i) < D(X, X_j), \quad \forall i \neq j, \text{ 则 } X \in X_i. \quad (7)$$

(7)式表明,两个区域相似,其距离测度最小。即使连续截面间形状有差异,但根据前面的矩分析和物体形状连续变化的假设,同一物体的近邻截面间也应存在相似性。因此,定义物体 O_i 在 z_k 平面上的截面和 O_j 在 z_m 平面上的截面的一阶归一化矩的相似性距离测度 d_{ij} 为

$$d_{ij} = \sqrt{(x_{ic,z_k} - x_{ic,z_m})^2 + (y_{ic,z_k} - y_{ic,z_m})^2 + (z_k - z_m)^2}. \quad (8)$$

因同一物体的近邻截面间距离测度最小,则有

$$d_{ii} < \min\{d_{ij}\}, \quad \forall i \neq j. \quad (9)$$

当下一张切片中的截面为上一张切片上存在的物体截面时,(8),(9)两式能准确地进行判别,反之,(9)式判别将出现困难,为此选择一阈值 d_0 ,将(9)式修改如下:

$$\min\{d_{ij}\} < d_0, \quad \text{则 } (x_{ic,z_k}, y_{ic,z_k}, z_{ic,z_k}), (x_{ic,z_m}, y_{ic,z_m}, z_{ic,z_m}) \in O_i.$$

上式说明,连续切片定义的三维空间中,同一物体的截面检测可转化为相邻切片间的截面归一化矩的距离相似度判别,即若距离相似度小于某一阈值 d_0 ,则判属为同一物体的截面;反之,则不属于同一物体。从而避开了求取整个未知物体的质心,简化了算法的设计,使相似矩匹配检测成为可能。

4 相似矩匹配检测的实现

根据上述相似矩匹配检测的原理,对同一物体的所有截面的检测实现,应先计算每个截面区域的归一化一阶矩,然后再进行相似判别检测。

4.1 截面矩的计算

在一幅二值图象中,灰度级为 1 的密实区域的几何形状可用闭合边界链码来描述。设闭合边界的链码长度为 a_1, a_2, \dots, a_i , $a_i \in (0, 1, \dots, 7)$, a_i 对应的边界象素点的坐标为

$$\left. \begin{aligned} x_i &= x_0 + \sum_{j=1}^i a_{jx}, \\ y_i &= y_0 + \sum_{j=1}^i a_{jy}, \end{aligned} \right\} \quad (10)$$

其中 x_0, y_0 为边界跟踪起点坐标, a_{jx}, a_{jy} 分别为 a_j 在 x 和 y 方向的投影分量。将(10)式代入(5)式,则有

$$\left. \begin{aligned} x_c &= x_0 + \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^i a_{jx}, \\ y_c &= y_0 + \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^i a_{jy}. \end{aligned} \right\} \quad (11)$$

(11)式表明,区域的质心与边界链码和跟踪起点有关,因此在边界跟踪的同时可直接计算质心坐标 (x_c, y_c) 。

4.2 同一物体截面的确定

设某一细胞体 P_k , 在相邻的连续两张切片 i 和 $i+1$ 张上, 对应的截面质心分别为 $(x_{k,i,c}, y_{k,i,c})$ 和 $(x_{k,i+1,c}, y_{k,i+1,c})$, 它们的绝对距离 d_{kk} (如图 1 所示) 定义为

$$d_{kk} = |x_{k,i,c} - x_{k,i+1,c}| + |y_{k,i,c} - y_{k,i+1,c}|. \quad (12)$$

相应地,定义 d_{km} 为 P_k, P_m 分别在 i 和 $i+1$ 切片上对应截面质心间的绝对距离,即

$$d_{km} = |x_{k,i,c} - x_{m,i+1,c}| + |y_{k,i,c} - y_{m,i+1,c}|. \quad (13)$$

从(6),(7)两式得出:

$$d_{kk} \leq \min\{d_{km}\}. \quad (14)$$

在同一张切片上,定义 d_{Pkm} 为 P_k, P_m 在切片 i 上的截面质心之间的绝对距离为

$$d_{Pkm} = |x_{k,i,c} - x_{m,i,c}| + |y_{k,i,c} - y_{m,i,c}|. \quad (15)$$

当切片厚度 z_c 薄于一定值时,有下列关系式

$$d_{kk} \leq \min\{d_{Pkm}\} = d_0. \quad (16)$$

d_0 的选择,可选取所有切片图象中,同一张切片图象,目标区域最集中,相邻目标质心间绝对距离最小的一张切片,按(15)式计算 d_{Pkm} ,取 $d_0 = \min\{d_{Pkm}\}$ 即可。

在计算机自动判别切片上的截面是否属于同一物体的截面时,有另外一种情况存在,即不连续的切片图象上,两个不同物体的截面的质心接近,它们间的绝对距离也小于 d_0 ,按上述方法,应判归为同一物体的截面。显然不应成立。为了便于正确检测,应考虑切片数是连续的,即切片 i 与切片 j 之差是否为 1 ($|i-j| \leq 1$)。这样便能正确检测。

4.3 检测实现

在判别检测的编程实现中,应先建立一个二维数组,按每个物体在连续切片中出现的先后次序来记录对应物体的起始和终止截面的质心坐标以及起始和终止切片数。每处理完一张切片时,按(11)式计算当前切片上各截面质心坐标,并按(13),(14)两式和考虑切片是否连续共同判别。若当前截面参数与数组中某一记录满足判别条件,则用当前截面参数更新数组对应记录项中的终止截面参数和终止切片数;反之,若与所有记录项均不满足判别条件时,则应建立一个新的记录项。记录项中终止切片数和截面参数与起始参数相同。如此遍历完所有切片时即可从二维数组中得到连续切片中共有细胞体的数目和每个个体相关的参数值。

5 实验结果

根据前面描述的相似矩匹配检测原理,曾用 FORTRAN 语言分别在以 Super AT, DEC386 微机为主机的图象处理系统上进行编程实验。实验标本分别取自月经龄为四个月、七个月、十个月的人胎儿共 27 例小肠肌间神经丛和 3 例大白鼠小肠肌间神经丛经组织学处理后的电镜切片。由医学工作者在切片标定两个定位点,经摄像输入计算机,根据两个定位点对连续切片自动进行位移、旋转配准和光强校正。表 1 给出了一例切片间距为 $1\mu\text{m}$ 、月经龄七个月的 40 张人胎儿肠道肌间神经丛的连续切片中神经元胞体群体的

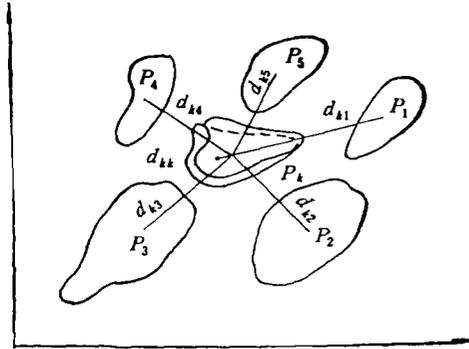


图1 绝对距离定义示意图

表 1 神经元群体的自动检测和人工判读结果

| 序号 | q_s | (x_{sc}, y_{sc}) | q_e | (x_{ec}, y_{ec}) | q_{rs} | q_{re} | 序号 | q_s | (x_{sc}, y_{sc}) | q_e | (x_{ec}, y_{ec}) | q_{rs} | q_{re} |
|----|-------|--------------------|-------|--------------------|----------|----------|----|-------|--------------------|-------|--------------------|----------|----------|
| 1 | 1 | (244,178) | 22 | 246,200 | 1 | 22 | 19 | 18 | 418,270 | 27 | 434,276 | 18 | 27 |
| 2 | 1 | 296,174 | 6 | 296,178 | 1 | 6 | 20 | 20 | 308,216 | 31 | 302,214 | 20 | 31 |
| 3 | 1 | 344,226 | 7 | 342,226 | 1 | 7 | 21 | 21 | 136,222 | 30 | 124,230 | 21 | 30 |
| 4 | 2 | 186,214 | 7 | 186,214 | 2 | 7 | 22 | 23 | 272,276 | 27 | 280,270 | 23 | 27 |
| 5 | 2 | 234,224 | 13 | 218,224 | 2 | 13 | 23 | 25 | 186,208 | 32 | 192,216 | 25 | 32 |
| 6 | 3 | 156,184 | 8 | 154,188 | 3 | 8 | 24 | 26 | 344,234 | 29 | 342,236 | 26 | 29 |
| 7 | 4 | 312,246 | 9 | 310,246 | 4 | 9 | 25 | 28 | 392,248 | 33 | 390,248 | 28 | 33 |
| 8 | 5 | 190,164 | 19 | 194,190 | 5 | 19 | 26 | 29 | 100,268 | 35 | 98,266 | 29 | 35 |
| 9 | 6 | 314,202 | 11 | 304,204 | 5 | 11 | 27 | 29 | 198,290 | 34 | 204,288 | 29 | 34 |
| 10 | 7 | 354,254 | 12 | 356,260 | 7 | 12 | 28 | 29 | 334,246 | 37 | 322,238 | 29 | 37 |
| 11 | 10 | 150,180 | 14 | 150,180 | 10 | 14 | 29 | 29 | 390,292 | 37 | 386,298 | 29 | 37 |
| 12 | 10 | 216,260 | 20 | 214,262 | 10 | 20 | 30 | 30 | 154,196 | 40 | 146,212 | 30 | 40 |
| 13 | 13 | 326,226 | 20 | 336,224 | 13 | 20 | 31 | 33 | 150,294 | 39 | 142,294 | 33 | 39 |
| 14 | 14 | 276,260 | 21 | 266,276 | 14 | 21 | 32 | 34 | 338,290 | 37 | 336,288 | 34 | 37 |
| 15 | 14 | 330,200 | 17 | 338,262 | 14 | 17 | 33 | 34 | 76,222 | 40 | 76,228 | 34 | 40 |
| 16 | 14 | 380,242 | 20 | 380,248 | 14 | 20 | 34 | 36 | 248,278 | 39 | 250,282 | 36 | 39 |
| 17 | 16 | 112,218 | 22 | 104,222 | 16 | 22 | 35 | 36 | 272,296 | 40 | 276,298 | 36 | 40 |
| 18 | 18 | 340,284 | 27 | 346,276 | 18 | 27 | | | | | | | |

注: q_s, q_e, q_{rs}, q_{re} 分别为自动检测和人工判读的神经元胞体在连续切片中的起始和终止切片张数; $x_{sc}, y_{sc}, x_{ec}, y_{ec}$ 分别为每个神经元胞体的起始和终止截面的质心坐标。整个检测时间为 11min21s。

微机自动检测结果,图 2 给出了该例样本采用文献[6]的重建显示方法的结果图象。很明显,图 2 的结果只提供了个体形状和个体间前后位置关系上的视觉效果,未能进一步展示



图 2 重建结果图象

$\alpha = 0, \beta = 0$ (α, β 分别为绕 x 轴, y 轴旋转角度)

定量关系上的具体数目和定量的位置关系。表上的结果弥补这些定量数据,它们一起使用可进一步揭示神经元胞体群体的有关分布、距离、极性、分形特征、走向等生理意义极为重要的定性定量认识。

6 结 束 语

本文所描述的相似矩匹配检测法是对 27 例人胎儿和 3 例大白鼠小肠肌间神经丛连续切片图象处理的总结,已成功地在微机实现。该方法具有快速、准确、易实现等特点。尤其是该方法是基于边界链码直接计算其截面质心和采用最小距离判别准则,所以极大地减少了群体检测对计算机内存的需求。检测算法的核心在于切片配准的精度和判别阈值 d_0 的选择。另外,稍加改进还可实现群体中各个体的表面积、体积等形态参数的测量,同时也为抽取群体连续切片图象中任一个体的微机三维重建显示提供了可能。

参 考 文 献

- [1] 汤正诤,徐嘉芳. 上海科技大学学报, 1989,(2): 19—24.
- [2] Mazziotta J C, Hamilton B L. *Comput. Biol. Med.*, 1977, 7(3):265—279.
- [3] Udupa J K. *Comput. Graph. Imag. Proc.*, 1982, 18(5):213—235.
- [4] 张家树,李时光. 西南师范大学学报(自然版), 1992,17(3): 313—319.
- [5] 张 义,李时光,杨 恬. 中国生物医学工程学报, 1992,11(1): 17—22.
- [6] 张家树,李时光. 中国生物医学工程学报, 1993,12(2): 121—125.
- [7] 杨 恬,李时光. 四川解剖学杂志, 1992,11(1): 2,39—42.
- [8] 周新任,柳 健,刘华志编. 数字图象处理. 北京: 国防工业出版社, 1986, 第 248 页.

BINARY DISCRETE OBJECT DETECTION FROM 3-D SPACE OF SERIES SLICES

Zhang Jiashu

(Department of Physics, Southwest China Teachers University, Chongqing 630715)

Li Shiguang

(Department of Radio, Chongqing University, Chongqing 630044)

Abstract This paper gives moment's description of 3-D object and presents similar moment matching detection method for binary discrete objects from 3D-space of series slices. Theoretical analysis and experimental results show that it saves computer memory extremely and can easily be realized, and it decreases calculation and improves detecting ratio. Number of objects, start section and end section centers of each object are obtained after processed whole series slices.

Key words Pattern recognition, Moment's descriptor, Similar moment matching detection