

一种图像细化算法及其在医学图像中的应用^{*}

谭兆信¹, 冼芳¹, 张仁礼²

(1. 中山大学计算机科学系, 广东 广州 510275; 2. 中山医科大学达安基因诊断中心)

摘 要: 提出一种具有较高准确度的细化算法. 通过基本细化和优化等步骤, 该算法抽取的骨架相当接近理想的骨架. 还讨论这种细化算法在人类染色体图像处理中的应用.

关键词: 细化; 骨架; 模式识别; 染色体

中图分类号: TP394.41 **文献标识码:** A

细化算法在数字图像处理的研究中起着重要的作用. 近年来, 许多学者提出了各种细化算法, 这些算法有串行的和并行的^[1~4]. 但是, 由于细化对象的复杂性, 至今还没有一种很好的通用的细化算法适用于各种应用的需要. 人类染色体的识别和分析是医学图像处理的重要课题. 而准确地抽取染色体的骨架, 是正确识别和分析染色体的关键. 本文提出一种具有较高准确度的细化算法, 讨论该算法在染色体图像处理中的应用, 计算了该细化算法的准确度, 并与其他几种细化算法进行比较.

1 算法的流程及基本细化算法

设有二值图像. 其中, 值为 1 的像素组成的集合记为 G , 称 G 为图像的主干. 我们的目的是将图像的主干反复细化, 得到 G 的骨架. 不失一般性, 设 G 是一个连通的区域, 我们的细化算法得到连通的、单像素宽度的骨架.

为叙述方便, 把本文提出的算法称为 HATA 算法. HATA 算法的基本思想是: 首先求出图像的基本骨架, 然后对基本骨架进行优化. 求基本骨架的算法称为基本细化算法; 而优化则包括骨架移位、骨架膨胀、再度细化、骨架延伸 4 个步骤. 其流程如图 1 所示.

——→ 基本细化 ——→ 骨架移位 ——→ 骨架膨胀 ——→ 再度细化 ——→ 骨架延伸

图 1 HATA 算法流程图

Fig 1 Flow chart of HATA algorithm

基本细化算法是一种串行的细化算法, 它是对^[4]中提出的算法的改进. 设以像素点 P 为中心的 3×3 矩阵的点, 从上到下、从左到右依次为 $x_1, x_2, \dots, x_9$ (设 $P = x_5$); 而本次处理后 x_1, x_2, x_3, x_4 分别变为 d_1, d_2, d_3, d_4 . 对于 P 的 8 邻域, 定义 8 种模板 (图 2).

为了保证抽取的骨架的连通性在细化过程中, 决定像素 P 是否删除时, 除了要检查 P 的邻域是否与模板匹配外, 还要检查 P 邻域的连通性. 对应于模板 (a) ~ (h), 检查连通性的条件分别为:

^{*} 基金项目: 广东省中山市电力工业局资助项目 (99-018-711092)

收稿日期: 1999-09-01; 作者简介: 谭兆信 (1941~), 男, 教授.

(a) 无; (b) $(x_1 = 0)$ 或 $(d_4 = 1)$; (c) $d_4 = 1$; (d) $(x_7 = 0$ 或 $d_4 = 1)$ 且 $(d_3 = 0$ 或 $d_2 = 1)$;
(e) $d_2 = 1$; (f) $d_1 = 0$ 或 $d_2 = 1$; (g) 无; (h) 无

按上述条件进行细化的算法称为基本细化算法,得到的骨架称为基本骨架.程序运行结果表明,基本细化算法既保持了骨架的连通性,又能使骨架的宽度为 1.

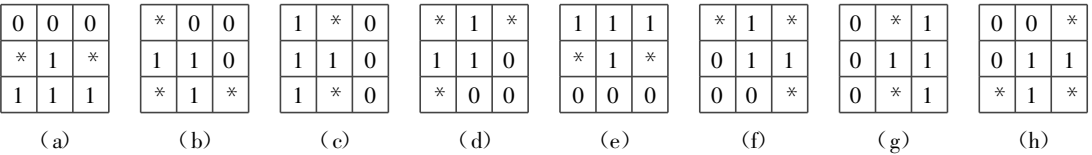


图 2 细化模板(其中 * 表示不考虑的条件)
Fig 2 Thinning Template(the * denotes condition ignored)

2 基本骨架的优化

2.1 基本骨架的位移

设基本骨架为 S , S 相对于理想的骨架往往有不同程度的偏离. 为了克服这种偏离, 我们采用一种称为“中点移位”的方法. 其做法是: 对基本骨架 S 的每一点 P , 若 P 不是 S 的交叉点或交叉点的邻点, 则求出 S 在 P 点的垂线, 找出垂线在图像主干 G (即二值图像中像素为 1 的点集) 内的部分的中点 Q ; 当 P 是 S 的交叉点或交叉点的邻点时, 令 $Q = P$. 所有这样的中点 Q 组成了点集 S' .

求 S 在 P 点的垂线方法如下. 定义 8 种方向, 编号依次为 0, 1, ..., 7 (图 3). 按照 P 的 3×3 邻域中 S 的点的分布模式可以确定垂线方向. 作为例子, 图 3 中列出了若干种模式及其对应的垂线的方向编号. 图中, + 为骨架点, d_i 为垂线方向编号.

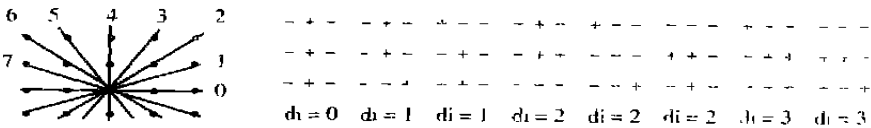


图 3 垂线方向编号及骨架点的分布与垂线方向的关系
Fig.3 Numbers of perpendicular directions and relationship between distributing of skeleton points and perpendicular directions

2.2 S' 的膨胀

点集 S' 不一定是连通的. 为此, 我们对 S' 进行以 3×3 的正方形为结构元素的膨胀 (dilation) 运算. 于是 S' 变为宽度为 3 的区域 S'' , S'' 恢复了 S 原有的连通性. 就理论上而言, 上述的膨胀运算并不能绝对保证 S'' 的连通性, 但就实际应用而言, 由于我们事先对图像作了简单的图像形态学处理, G 的毛刺不再极端严重, 这时 G 的基本骨架 S 中相邻二点 P_1, P_2 对应的中点 Q_1, Q_2 的坐标相差一般不大于 3, 因而以 3×3 的正方形为结构元素的膨胀运算, 可以使 S'' 恢复 S 的连通性.

2.3 S'' 的细化与伸长

对区域 S'' , 采用前述的基本细化算法进行细化, 就得到了连通的单像素宽的骨架SK. 由于 S'' 基本上是以较接近理想骨架的点为中心、宽度为 3 的连通区域, 因而细化的结果与理想骨架相当接近.

在人类染色体的识别与分析系统中, 染色体的长度是一个重要参数. 而骨架的长度也就反映了染色体的长度, 因而, 染色体的骨架应该延伸到染色体的两端. 对于这种情形, *HATA* 算法中包含了延长处理. 延长就是在 SK 的两端各取 3 个像素, 分别按这 3 个像素确定骨架两端的方向将骨架延长到染色体的边界.

3 *HATA* 算法在医学图像处理中的应用及实验结果

人类染色体图像的识别和分析是医学图像处理研究的重要课题. 一个染色体中按纹理灰度的深浅分为深带纹和浅带纹, 一个染色体的深带纹和浅带纹的分布是识别和分析染色体的关键因素. 因此, 准确提取染色体骨架, 对于染色体的识别和分析有关键的作用. 采用了 *HATA* 算法, 有助于提高染色体分析系统的性能.

为了检查 *HATA* 算法求出的骨架的质量, 把它与文[3, 4] 中的算法进行比较. 图 4 是对于染色体图像和字符图像的结果.

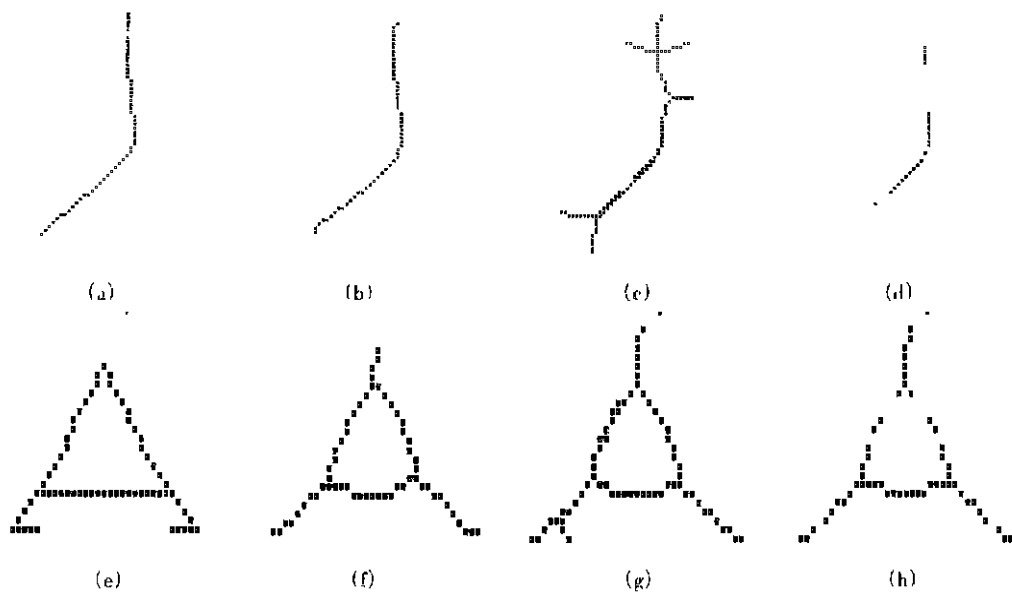


图 4 对染色体(a~d)和字符 A(e~h)的实验结果

Fig.4 Result of chrosomome (a~d) and character A (e~h)
(a) 理想骨架;(b) HATA; (c) 文献[3]; (d) 文献[4];
(e) 理想骨架;(f) HATA; (g) 文献[3]; (h) 文献[4]

为了对细化算法的准确度进行更精确的描述, 本文采用了类似于文[3] 中的准确度计算公式. 设骨架的精确度用 *ACC* 表示, 则对骨架的每个点作如下处理:

- 1) 若骨架点位于理想骨架上, 则 *ACC* 加 3;

2) 若骨架点不在理想骨架上, 令 d 为该骨架点离理想骨架点距离的最小值, ACC 减 d .

对于文献[3, 4]、 $HATA$ 和理想骨架, 用上述的计算公式计算染色体骨架的准确度分别为 125、19、114 和 180; 字符 A 骨架的准确度分别为 33、6、46 和 198. 实验结果表明, $HATA$ 算法求出的骨架优于文[3, 4] 算法求出的骨架, 它与理想骨架相当接近, $HATA$ 是一个准确度较高的细化算法.

参考文献:

- [1] KWOK D C K. *A thinning algorithm by contour generation*[J]. *CACM*, 1988, 31: 1314~1324
- [2] WU R Y, TSAI W H. *A new one, pass parallel thinning algorithm for binary image*[J]. *Pattern Recognition Letters*, 1992, 13: 715~723.
- [3] BOURBAKIES N G. *A parallel-symmetric thinning algorithm*[J]. *Pattern Recognition*, 1989, 22(4): 387~396.
- [4] ZHAO Y, YUAN B Z. *Skeleton extraction in seal identification system using morphology*[J]. *International Conference on Signal Processing Proceeding*, 1998, : 1281~1283.

An Image Thinning Algorithm and Its Application to Medical Image

TAN Zhao-xin^{*}, DING Guo-fang, ZHANG Ren-li

Abstract: A thinning algorithm with high accuracy is proposed. By tentative thinning and optimization, the extracted skeleton is almost equal to the ideal skeleton. The authors also discuss its application to chromosome image processing.

Keywords: thinning; skeleton; pattern recognition; chromosome

^{*} Department of Computer Sciences, Zhongzhou University, Guangzhou 510275, China