

基于核密度估计和 K 均值聚类算法的骨扫描图像分割

徐磊¹,孟庆乐²,杨瑞²,曹艳²,王峰²,崔璨²,蒋红兵^{1*}

(¹南京医科大学附属南京医院医疗设备处,²核医学科,江苏 南京 210006)

[摘要] 目的:探讨 K 均值聚类的改进算法,并将其应用于全身骨扫描图像的分割。方法:首先对二维全身骨 SPECT 图像进行锐化、平滑、灰度变换等预处理;其次用核密度估计方法拟合出图像像素概率密度函数曲线,根据曲线的峰值点确定 K 个初始聚类中心值;再应用 K 均值聚类对图像进行分割;最后使用模板匹配排除误识别的区域。结果:图像预处理凸显了感兴趣目标,并改善了图像质量;基于核密度估计的 K 均值聚类算法的 *Tanimoto* 相似度系数明显优于传统 K 均值算法,平均耗时短于其他分割算法。结论:核密度估计有效地避免 K 均值聚类算法中初始聚类中心选取的盲目性,使聚类结果更为快速、准确、稳定。改进的 K 均值聚类算法对骨扫描图像分割效果显著,更便于对感兴趣区域进行定性、定量分析。

[关键词] SPECT;骨扫描; K 均值聚类;核密度估计

[中图分类号] R814.42

[文献标志码] B

[文章编号] 1007-4368(2015)04-585-05

doi:10.7655/NYDXBNS20150429

Segmentation of bone scintigraphy image via the K -means clusters with kernel density estimation

Xu Lei¹, Meng Qingle², Yang Rui², Cao Yan², Wang Feng², Cui Can², Jiang Hongbing^{1*}

(¹Department of Medical Equipment, ²Department of Nuclear Medicine, Nanjing First Hospital Affiliated to NJMU, Nanjing 210006, China)

[Abstract] **Objective:** This paper proposed an improved K -means clustering algorithm based on kernel density estimation which is used for the automatic segmentation of whole-body bone scan image. **Methods:** First, we sharpened and smoothed the 2D SPECT whole-body scan image for preprocessing. Second, we used Gaussian kernel density estimation curve to obtain optimal clustering centers as the initial value of K -means clustering algorithm. And then, we segmented the image using the K -means clustering algorithm. Finally, the template match method was performed to delete wrong recognized areas. **Results:** Image preprocessing provided clearer and more detailed activity structures and improve image quality. The improved K -means clustering algorithm generated a higher degree of *Tanimoto* similarity than traditional K -means method, and it had a less running time than others. **Conclusion:** Kernel density estimation can effectively avoid the blindness of the initial clustering center selection in the K -means method, and make the clustering results more rapid, accurate and stable. The proposed algorithm is suitable for whole-body bone scan image segmentation which has important significance to the analysis of region of interest.

[Key words] SPECT; bone scintigraphy; K -means clusters; kernel density estimation

[Acta Univ Med Nanjing, 2015, 35(04):585-589]

骨扫描(bone scintigraphy)是核医学领域常用的成像方式之一,广泛应用于肿瘤骨转移的检测和早期肿瘤的诊断^[1-3]。正常人的骨扫描图像均匀清晰,

全身骨放射性分布均匀对称,而发生肿瘤骨转移的区域,会出现趋骨性放射性核素浓聚,在图像上表现为团点状的亮点^[4]。但是由于图像采集的复杂性、患者之间的差异性、图像质量差和人工读片存在主观性等因素,使得骨扫描图像的分析诊断结果存在偏差。为了改善骨扫描图像质量,提取出感兴趣区域进行定性、定量分析,必须对图像进行分割运算。

图像分割是把图像分成各具特性的区域并提

[基金项目] 南京市医学科技发展资金“青年工程”人才培养专项经费资助(QRX11033)

*通信作者 (Corresponding author), E-mail: jiang_hongbing@aliyun.com

取出感兴趣目标的技术和过程。分割图像是图像分析的关键步骤,分割结果的优劣直接影响最终图像分析质量和对象识别结果。目前图像分割算法主要包括阈值法、区域提取法、聚类法和边缘检测法 4 大类^[5]。但是还没有一个标准算法用于骨扫描图像分割,朱春媚等^[6]使用 BP 神经网络算法,该算法需要构建的网层次较多,且存在计算量较大、收敛速度较慢等缺点;还有学者采用基于先验知识和模板匹配等算法^[7],分割效果均不是很理想,达不到医学诊断需要的分割精度。

本文采用基于核密度估计的 K 均值聚类算法对骨扫描图像进行分割,K 均值聚类算法具有很好的伸缩性,可以处理大像素的图像,且对带团状区域的图像聚类效果显著;核密度估计可以根据图像的灰度概率密度确定 K 均值聚类所需的 K 个初始聚类中心值。实验结果表明,该方法可以快速、准确地分割骨扫描图像。

1 资料与方法

1.1 资料

选用 200 例骨扫描患者图像作为样本,图像矩阵大小为 256×1 024,所用算法均在 Matlab 2013a 编程环境下仿真实现。

1.2 方法

1.2.1 图像分割流程

骨扫描图像本身信噪比低、边界模糊、患者差异性大,单纯使用 K 均值聚类算法进行图像分割,并不能达到理想的效果。本文对图像的处理流程分为预处理、基于核密度估计的 K 均值聚类分割算法和后处理三部分。预处理选用拉普拉斯变换、梯度变换、均值滤波、灰度变换等方法,达到锐化图像、去除噪声、扩大灰度动态范围的效果。采用基于核密度估计的 K 均值聚类算法,将图像划分成若干区域,并提取出感兴趣目标。嘴巴、鼻子、膀胱等部位常出现核素聚集,特征与病变区域相似,通过模板匹配法去除误识别的区域。通过对称程序排除由骨骼引起的病变点。图像处理的整个流程如图 1 所示。



图 1 骨扫描图像处理流程

Figure 1 Flow chart of bone scan image process

1.2.2 图像预处理

对一幅人体骨骼核扫描图像,人们总希望通过图像锐化突出骨骼的更多细节,图像平滑提高信噪

比,以此来改善图像质量。但是由于受成像原理所限制,图像灰度范围很窄并且伴随着很高的噪声^[8]。为此,本文采取以下策略:首先用拉普拉斯变换突出图像中的小细节,然后用梯度法突出其边缘。平滑过的梯度图像将用于掩蔽拉普拉斯图像,最后通过灰度变换来扩展图像的灰度动态范围。具体步骤如下:①对原始图像 $I(x,y)$ 进行拉普拉斯变换得 $I_1(x,y)$,突出图像中的小细节;②对原始图像 $I(x,y)$ 进行梯度变换得 $I_2(x,y)$,突出原始图像的边缘;③用 1 个 5×5 的均值滤波器对梯度图像 $I_2(x,y)$ 进行平滑得 $I_3(x,y)$,达到降噪的效果;④用平滑过的梯度图像掩蔽拉普拉斯图像得锐化后的图像,即 $I_4(x,y)=I_2(x,y) \times I_3(x,y) + I_1(x,y)$;⑤扩展图像的灰度范围。对图像 $I_4(x,y)$ 进行幂率变换处理得到预处理图像 $I_5(x,y)$ 。

1.2.3 传统 K 均值聚类算法

K 均值聚类算法是一种无监督模型的学习方法^[9],能对大型数据进行高效聚类,广泛应用于图像分割、模式识别、数据挖掘中。传统 K 均值聚类的基本思想是^[8]:给定 1 个包含 n 个数据对象的数据集以及要生成簇的数目 K ,随机选取 K 个对象作为初始的 K 个聚类中心;然后计算剩余各个样本到每一个聚类中心的距离,将该样本归到离它最近的那个聚类中心所在的类,对调整后的新类使用平均值的方法计算新的聚类中心;如果相邻 2 次的聚类中心变化范围小于设定的临界值,说明样本调整结束且聚类平均误差准则函数已经收敛。

在骨扫描图像中,图像矩阵大小为 256×1 024, I_{xy} 代表图像 $I(x,y)$ 中第 xy 个像素的灰度值, $xy \in [1, 256 \times 1 024]$ 。假定 μ_k 是第 k 类初始化中心, $k=1, 2, 3, \dots, K$ 。 D_k 是 I_{xy} 和第 K 类中心的距离,即公式(1)所示。

$$D_k = |I_{xy} - \mu_k|, k=1, 2, 3, \dots, K \tag{1}$$

K 均值聚类算法如下:第一步,随机选择聚类数目 K 和初始聚类中心 μ_k^i 。在本文中,初始聚类中心选自核密度估计的峰值;第二步,应用公式(1)将 I_{xy} 分配到距离最小的类别中,即 $C_{xy} = K = \min \{D_1, D_2, \dots, D_k\}$, C_{xy} 是类别号;第三步,使用公式(2)更新第 K 类的初始聚类中心和像素数量, μ_k^i 是第 k 类初始化中心第 i 次迭代的结果, $i=1, 2, 3, \dots, 50$, n_k 为第 k 类像素数量, $n_k \in [0, 256 \times 1 024]$;

$$\mu_k^{i+1} = \frac{1}{n_k} \sum_{C_{xy} \in k} I_{xy} \tag{2}$$

第四步, 如果满足 $\sum_{k=1}^k |\mu_k^{i+1} - \mu_k^i| \leq \varepsilon$, 则迭代停止, 否则跳到步骤 2, 将 μ_k^i 赋给 μ_k^{i+1} 。 ε 是迭代停止的临界值, 本文 ε 取 0.01。

1.2.4 基于核密度估计的 K 均值聚类算法优化

K 均值聚类算法简洁, 实现简单, 但也存在不足之处: ①需要事先给定聚类数目 K , 实际应用中, K 值难以预先确定; ②初始聚类中心的选择对聚类结果有较大影响, 选择不当, 无法得到全局最优的分类结果。 K 均值聚类的改进算法很多, 主要包括直方图峰值、分裂—合并、均值—标准差、神经网络等方法^[11], 都在一定程度上解决了初始聚类中心问题, 但同时也引进了复杂计算, 降低了 K 均值聚类快速收敛的性能。

本文采用核密度估计来确定 K 均值聚类所需的 K 个初始聚类中心, 核密度估计是一种非参数估计的建模方法, 不需要事先假定像素值的分布, 可直接从图像像素的连续变化值中估计出概率密度函数, 以期得到一条光滑的估计曲线^[12]。本文选取高斯函数作为核函数, 等概率地选出 m 个格点的像素灰度值作为观察值。则高斯核密度估计函数关系式如公式(3)所示^[13]:

$$f(y_j) = \frac{1}{n} \sum_{x,y=1}^n \frac{1}{\sqrt{2\pi} h} e^{-\frac{(y_j - I_{xy})^2}{2h^2}} \quad (3)$$

用公式(4)在图像中等概率地选出 m 个格点, 窗宽 h 由公式(5)确定^[12]。

$$y_j = \text{Min}(I_{xy}) + j \times [(\text{Max}(I_{xy}) - \text{Min}(I_{xy})) / m], j = 1, 2, 3 \dots m, m = 256 \quad (4)$$

$$h = 0.9 \times \text{Min}(STD, IQR / 1.34) \times n^{-\frac{1}{5}} \quad (5)$$

其中 I_{xy} 为第 x 行, 第 y 列的像素点灰度值, y_j 是第 j 个格点灰度值, $\text{Max}(I_{xy})$ 是图像像素最大值, $\text{Min}(I_{xy})$ 是图像像素灰度最小值, h 为窗宽, STD 是图像像素的标准差, IQR 为图像像素的四分位差, n 是骨扫描图像的像素数量。

1.2.5 后处理

在鼻子嘴巴和膀胱部位常出现核素浓聚, 特征与病变区域相似, 容易被误识别, 用模板匹配法来排除, 分别取矩形模板, 扫描这两个区域, 若匹配矩形范围内有病变区域, 则把这些区域的灰度值进行翻转, 可变为正常。

1.2.6 图像处理结果评价

图像预处理的效果采用主观视觉分析定性评价

图像质量, 均值聚类算法对图像分割的效果可选用 *Tanimoto* 相似度系数和平均所耗时间定量地进行评价, $Tanimoto \in [0, 1]$, *Tanimoto* 相似度系数越接近于 1, 平均耗时越短, 则聚类效率越高, 同样图像分割得越精确^[14]。*Tanimoto* 相似度系数公式如(6)所示。

$$TS(A, B) = \frac{\sum_{k=1}^K (A_k \cap B_k)}{\sum_{k=1}^K (A_k \cup B_k)} \quad (6)$$

其中 A_k 是第 k 类的像素数量, B_k 是原始图像中第 k 个感兴趣区域的像素数量, $A_k, B_k \in [0, 256 \times 1024]$, k 为分类数目, $A_k \cap B_k$ 代表 A_k 和 B_k 的交集, $A_k \cup B_k$ 代表 A_k 和 B_k 的并集。

2 结果

2.1 预处理结果

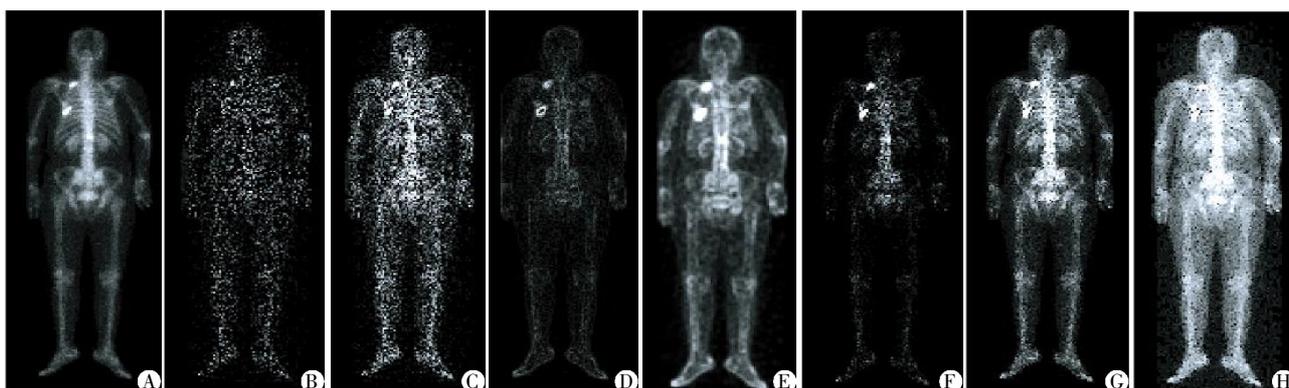
预处理包括锐化、平滑、灰度变换等, 每一步的结果如图 2 所示。可以看出拉普拉斯算子突出了图像的小细节, Sobel 算子提取出了感兴趣目标, 均值滤波降低了图像噪声, 幂率变换调整了图像的对比度。

2.2 核密度估计

对预处理后的图像分别进行高斯核密度估计的曲线拟合和直方图运算(图 3)。可以看出根据图像直方图很难确定均值聚类算法的初始聚类数目值, 而核密度估计曲线有明显的峰值点, 图中箭头指向的峰值点可作为初始聚类中心。当核密度估计曲线峰值点较多时, 为了兼顾计算量以及分割精度, 初始聚类中心选取规则如下^[14]: 当峰值点个数 < 10 时, 所有峰值点均作为初始聚类中心; 当峰值点 > 10 时, 将峰值由大到小排列, 取出其中的 10 个峰值点作为初始聚类中心。

2.3 图像分割结果评价

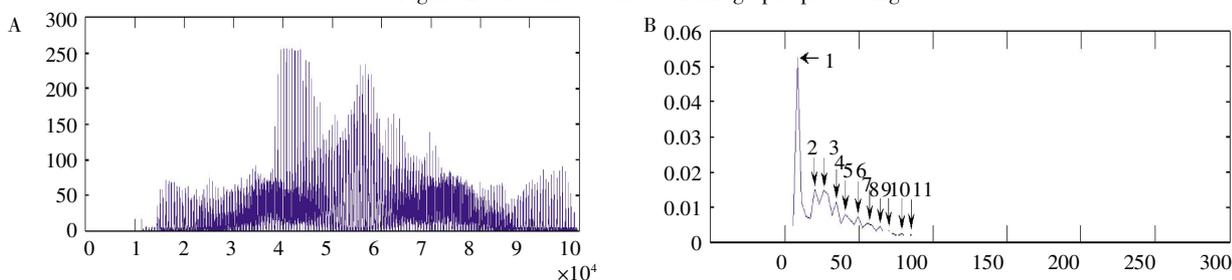
本文选用 *Tanimoto* 相似度系数评价传统与改进的均值聚类算法对图像的分割效果, 结果如表 1 所示。随着峰值点数目 K 的增加, *Tanimoto* 相似度系数递增, 当 $K=10$ 时 $\varepsilon=0.008$, 满足均值聚类算法的第四步, 即 $\varepsilon \leq 0.01$; 当 $K \geq 10$ 时, 计算量增大, 且分割效果无显著差异。由此可得初始聚类中心数目 K 选为 10, 选取前 10 个峰值点作为初始化聚类中心具体值为 $\mu_1=1.6, \mu_2=12.0, \mu_3=17.2, \mu_4=25, \mu_5=30.2, \mu_6=38.0, \mu_7=45.8, \mu_8=51.0, \mu_9=56.1, \mu_{10}=63.9$ 。



A:原始图像;B:拉普拉斯操作后图像;C:图 A、B 相加后图像;D:图 A sobel 梯度处理后图像;E:使用 5×5 均值滤波器平滑后 sobel 图像;F:图 C、E 相乘的掩蔽图像;G:图 A、F 求和得到的锐化图像;H:图 G 进行幂率变换后的最终图像。

图 2 骨扫描图像预处理结果

Figure 2 Result of bone scan image pre-processing



A:图像直方图;B:图像高斯概率密度分布(PDF)。

图 3 图像的直方图和高斯核密度估计曲线

Figure 3 Result of image histogram and Gaussian kernel density estimation

表 1 传统与改进的 K 均值算法的比较

Table 1 Comparison of traditional and improved K-means algorithm with different K value

分割算法	Tanimoto 相似度系数			
	K=8	K=9	K=10	K=11
传统 K 均值算法	0.782	0.821	0.833	0.835
改进的 K 均值算法	0.794	0.852	0.873	0.874

表 2 骨扫描图像的不同分割算法评价

Table 2 Evaluation of bone scan image based on different segmentation rules

算法类型	Tanimoto 相似度系数	平均耗时(s)
传统 K 均值算法	0.833	2.409 01
改进的 K 均值算法	0.873	1.002 31
神经网络算法	0.874	1.864 23
先验知识算法	0.872	1.743 28
模板匹配算法	0.873	1.563 24

为了进一步验证本文提出算法的优越性,将骨扫描图像的不同分割算法与改进的均值算法进行比较,评价指标采用算法平均耗时,结果如表 2 所示。传统均值算法 Tanimoto 相似度系数最小,且平均耗时最长;改进的均值算法的 Tanimoto 相似度系数相对较大,平均耗时最短。其他 3 种分割算法虽然分割精度较高,但是都存在耗时较长的缺陷。

2.4 图像输出结果

图像的最终处理结果如图 4 所示。图 4C 很好地去除了本底,白色箭头指向病变区域,黑色箭头指向可疑病变部分,此方法成功地凸显了小细节。

3 讨论

本文提出了改进的 K 均值聚类算法,并将其应

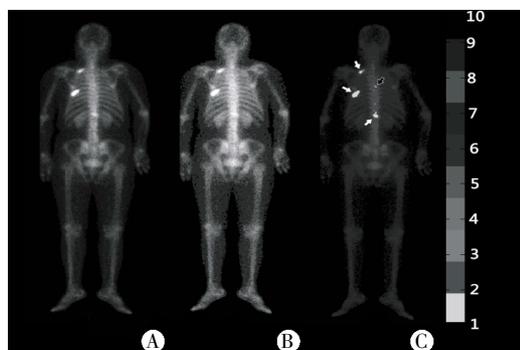


图 4 原始图像(A)、传统 K 均值(B)和改进 K 均值算法(C)分割后的图像对比

Figure 4 Comparison of original image(A), and the images based on traditional(B) and improved K-means algorithm(C)

用于骨扫描图像的分割。整个图像分割流程简洁明了,其中图像预处理更好地突出了骨骼部分,改善了图像质量;通过高斯核密度估计可以为 K 均值聚类算法选出最佳的聚类中心和最优的聚类数目,避免选取的盲目性和陷入局部最优解;后处理排除了骨骼意外的核素浓聚区域。实验结果表明,联合使用核密度估计和 K 均值聚类算法能快速、准确、稳定地提取出感兴趣区域,突出微小可疑病变区域,为医生诊断提供便利,为图像的后续处理奠定基础。

[参考文献]

- [1] Šajin L, Kononenko I, Milčinski M. Computerized segmentation and diagnostics of whole-body bone scintigrams[J]. *Comput Med Imaging Graph*, 2007, 31(7): 531-541
- [2] 程 旭,李永军,徐兆强,等. PET/CT 显像与全身骨扫描诊断转移性骨肿瘤的比较研究[J]. *南京医科大学学报:自然科学版*, 2013, 33(1): 126-130
- [3] 程 旭,李永军,徐兆强,等. ^{99m}Tc -MDP 全身骨扫描在肾性骨病中的显像特点探讨[J]. *南京医科大学学报:自然科学版*, 2014, 34(9): 1260-1263
- [4] 朱春媚,田联房,陈 萍,等. GVF Snake 模型在全身骨 SPECT 图像分割中的应用[J]. *生物医学工程学杂志*, 2008, 25(1): 27-29
- [5] 张 健,宋 刚. 基于分裂式 K 均值聚类的图像分割方法[J]. *计算机应用*, 2011, 31(2): 372-374
- [6] 朱春媚,田联房,陈 萍,等. 基于 BP 神经网络的全身骨 SPECT 图像分割[J]. *生物医学工程学杂志*, 2007, 24(5): 1050-1053
- [7] 黄文博,燕 杨,王云吉. 医学图像分割方法综述[J]. *长春师范学院学报*, 2013, 32(4): 22-25
- [8] Brenner AI, Koshy J, Morey J, et al. The bone scan[J]. *Semin Nucl Med*, 2012, 42(1): 11-26
- [9] 陈 坤,马 燕,李顺宝,等. 融合直方图阈值和 K -均值的彩色图像分割方法[J]. *计算机工程与应用*, 2013, 49(4): 170-173
- [10] 傅德胜,周 辰. 基于密度的改进 K 均值算法及实现[J]. *计算机应用*, 2011, 31(2): 432-435
- [11] 王军敏,李 艳. 基于 K 均值算法的数据聚类 and 图像分割研究[J]. *平顶山学院学报*, 2014, 29(2): 43-45
- [12] 李俊林,符红光. 改进的基于核密度估计的数据分类算法[J]. *控制与决策*, 2010, 25(4): 507-514
- [13] 杨红喆,赵立辉. 融合高斯混合模型的测地线脑肿瘤分割方法[J]. *计算机工程*, 2014, 40(2): 256-259, 262
- [14] Chen TB, Chen JC, Lu HH. Segmentation of 3D microPET images of the rat brain via the hybrid gaussian mixture method with kernel density estimation[J]. *J Xray Sci Technol*, 2012, 20(3): 339-349
- [15] 闵超波,张俊举,常本康,等. 无需先验知识的红外显著性目标分割评价准则[J]. *模式识别与人工智能*, 2013, 26(12): 1106-1114
- [16] 李 毅,王远弟. 基于核密度估计的图像平滑的最优停止[J]. *上海大学学报:自然科学版*, 2011, 17(1): 103-110

[收稿日期] 2014-11-11