

一种改进的视网膜图像中微小动脉瘤的检测算法

丁 山 宋丽晓

(东北大学信息科学与工程学院 沈阳 110819)

摘 要 基于糖尿病性视网膜病变中最早出现的微小动脉瘤病症进行了研究,提出一种有效的微小动脉瘤检测算法。首先在传统模板匹配算法的基础上提出了一种动态多参数模板匹配算法,并且使用相对误差和与相关系数来共同制约匹配度,从而实现了更为精确的匹配提取;其次提出了基于分布特性的计分策略和自适应加权的汇总策略,避免了单纯采用各个特征量作为独立约束指标进行筛选时忽视各个特征量的约束力大小的弊端。实验结果表明,该检测算法能够有效地提高微小动脉瘤的检测真阳性率。

关键词 糖尿病性视网膜病变,微小动脉瘤,动态多参数模板匹配算法,人工神经网络

中图法分类号 TP391 **文献标识码** A **DOI** 10.11896/j.issn.1002-137X.2014.12.058

Improved Method of Microaneurysm Detection Algorithm Based on Digital Fundus Images

DING Shan SONG Li-xiao

(Department of Information Science and Engineering, Northeastern University, Shenyang 110819, China)

Abstract This paper presented a new approach to detect microaneurysms (MAs) in digital fundus images. The contributions of this approach are mainly twofold. First, the dynamic multi-parameter template matching scheme was proposed in this paper, which is more realistic compared to conventional schemes. We applied the dual constraints scheme to measure the matching degree by combining the sum of errors and correlation coefficients. Second, an adaptive weighted scoring algorithm with distribution character based scoring scheme was proposed on feature extraction for the MAs detection, which can not only reduce false positive (FP), but also maintain the true positive (TP) effectively.

Keywords Diabetic retinopathy, Microaneurysms (MAs), Dynamic multi-parameters template matching scheme, Artificial neural network

1 引言

糖尿病性视网膜病变(Diabetic Retinopathy, DR)是糖尿病性微血管病变中最重要的表现,是糖尿病的严重并发症之一,也是导致 50 岁以上人群视力下降乃至失明的主要原因。为了防止视力损伤,越早地检测出该病变就越能有效地减小对视力的损伤^[1]。在视网膜图像中,微小动脉瘤是 DR 出现的最早临床体征,因此,通过检测微小动脉瘤可以诊断 DR。微小动脉瘤表现为深层暗色小圆点,其边界较为清楚,通常情况下直径在 15 μm 至 60 μm 之间,近似于视盘附近视网膜静脉血管直径的 1/8 至 1/2 大小,较大情况下可近似达到视网膜静脉血管直径大小,但一般不超过 125 μm ,如图 1 所示。从整体上看,微小动脉瘤自动检测技术的发展可归结为两个阶段,即荧光造影图像阶段和数字眼底图像阶段。

Baudoin 等人提出了基于血管造影图像的视网膜微小动脉瘤自动检测技术^[2],算法使用顶帽(Top-Hat)变换,在图像的不同方向上使用线形结构元素作变换去除粘连的线形视网膜血管,剩下的孤立圆状区域即被视为微小动脉瘤。这种方法被认为是最原始且最基础的微小动脉瘤自动检测算法。文

献^[3]运用人工神经网络(Artificial Neural Network, ANN)方法进行微小动脉瘤提取,该方法仅仅区分是否为微小动脉瘤,并未将其提取出来并进行定位,此外该方法本身耗时巨大,不适合在临床检查中应用。

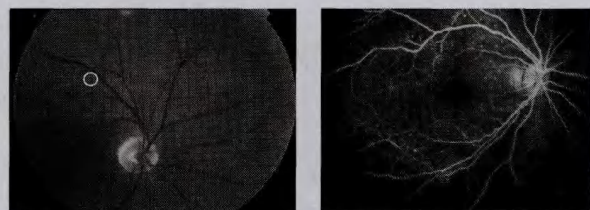


图 1 灰度图像下的微小动脉瘤 图 2 荧光素眼底血管造影图像

上述微小动脉瘤的提取算法均是基于荧光造影图像进行的。使用荧光素进行眼底血管造影时,虽然图像中微小动脉瘤具有相对较高的灰度对比度,但是其具有严重的副作用如恶心、头晕等,甚至会出现过敏、哮喘、血压下降、心脏停止、心肌梗塞、脑梗死等反应,具有一定的致死率^[4]。图 2 示出数字眼底照相得到的视网膜图像,其是视网膜成像的唯一一种非创伤性方法,目前已经逐渐成为视网膜眼底检查的主流成像

到稿日期:2013-06-25 返修日期:2013-08-16

丁 山(1967—),男,博士,副教授,主要研究领域为信号处理、嵌入式系统, E-mail: dingshan@ise. neu. edu. cn; 宋丽晓(1989—),女,硕士,主要研究领域为图像处理。

方法。

Fleming 等人使用局部标准化对比度的方法实现了数字眼底图像中微小动脉瘤的自动检测^[6]，一定程度上剔除了不易与微小动脉瘤区分的毛细血管部分。Walter 等人提出一种基于数学形态学的检测算法^[6]，其通过图像标准化实现亮影补偿，采用直径逼近的方法弥补了顶帽变换对弯曲血管检测的不足。Niemeijer 结合监督像素分类器 (Supervised Pixel Classification) 方法提出了一种混合检测算法^[7]，此算法可以检测所有的视网膜血管，包括微小动脉瘤等类似的病灶信息。然而上述方法需要医疗工作人员标记出每个像素点，当涉及到更大数量的图像时这种算法具有严重的不可行性，同时也会增加更多的假性候选微小动脉瘤。除了基于数学形态学方法的微小动脉瘤自动检测算法，Sinthanayothin 等人采用递归区域生长实现了微小动脉瘤和血管的检测，并使用神经网络提取血管后得到所要检测的微小动脉瘤^[8]。Bob 等人则采用了一种多尺度相关系数的方法实现微小动脉瘤的自动检测，根据微小动脉瘤的形状特征进行形态匹配，采用相关系数来制约匹配度，然后经过特征提取获取微小动脉瘤集合^[9]。尽管这种方法能够检测出不同大小的微小动脉瘤，但是由于模板本身存在很大的局限性，致使匹配度偏低，而且在特征提取过程中算法使用常量区间来限定特征值的范围，这将会带来较高的检测假阳性率。

本文针对上述算法的不足，创新性地提出了一种基于动态多参数模板匹配算法和基于分布特性计分策略与自适应汇总策略的微小动脉瘤过滤算法，综合使用这两种算法可以有效地提高检测灵敏度和降低检测假阳性率。

2 微小动脉瘤检测

2.1 DMPT-SC 微小动脉瘤提取算法

本文在实现视网膜微小动脉瘤的匹配提取时，为适应视网膜图像中不同形态的微小动脉瘤，针对微小动脉瘤在灰度形态上的变化，提出了动态多参数模板模型 (Dynamic Multi-parameter Template, DMPT)，并使用相对误差和 SE (Sum of Errors, SE) 与相关系数 CC (Correlation coefficient) 共同制约匹配度的策略实现了微小动脉瘤的提取，该算法简称为 DMPT-SC 算法。

DMPT-SC 算法主要分为 3 部分：模板匹配、血管去除和区域生长。模板匹配是根据微小动脉瘤的灰度形态选择合适的模板进行匹配运算，从而提取与模板有一定相关性的图像区域，本文将这些区域集合称为微小动脉瘤候选伪集 (Microaneurysms Pseudo-candidates, MPC)；血管去除是基于微小动脉瘤不会出现在视网膜血管上这一事实剔除 MPC 中位于血管结构上的区域；区域生长的目的是还原 MPC 中真性微小动脉瘤的原始大小，并滤除不符合大小要求的区域。本文将区域生长后的 MPC 称为微小动脉瘤候选真集 (Microaneurysms Real-candidates, MRC)。

2.1.1 DMPT 微小动脉瘤模板

视网膜图像中微小动脉瘤区域像素点的值呈现较为均匀的梯度变化，其等高线的分布较为规则，符合径向基函数的基本特性。所谓径向基函数 (Radial Basis Function, RBF) 就是

某种沿径向对称的标量函数，在二维空间下通常定义为空间中任一点 (x, y) 到中心点 (x_0, y_0) 之间欧氏距离 r 的函数。常用的径向基函数有 Gauss 函数、Markov 函数、Multi-Quadric 函数及逆 Multi-Quadric 函数。

DMPT-SC 算法选择 Gauss 函数作为模板设计的参考模型。由于本文中的视网膜图像均采用绿色通道下的二维图像，因此本文只针对二维高斯核函数进行讨论，二维高斯核函数的标准表达式见式 (1)。

$$G_T(x, y) = \frac{1}{2\pi \cdot \sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}} \quad (1)$$

视网膜图像中的微小动脉瘤区主要有 4 个形态变化参数，分别是区域半径、灰度水平面、陡峭度和灰度高度，设为 r, l, s 和 h 。因此，单纯地使用式 (1) 构造的匹配模板并不能匹配所有形态的微小动脉瘤。本文基于式 (1) 改进了传统的微小动脉瘤的匹配模型，提出了多参数匹配模板 DMPT，如式 (2) 所示。

$$T(x, y) = l + h \cdot e^{-\left(\frac{d}{r}\right)^2}, d = \sqrt{(x-x_0)^2 + (y-y_0)^2} \quad (2)$$

式中， (x_0, y_0) 为模板的中心点。

半径参数 r 可调节模板的能量分布范围，实现不同大小的微小动脉瘤匹配；模板的灰度高度参数 h 可调节模板中心最高能量值，实现不同对比度的微小动脉瘤匹配；模板的陡峭度参数 s 可调节模板的能量变化快慢趋势，实现不同锐利度的微小动脉瘤匹配；模板的灰度水平面参数 l 可调节模板的起始能量，实现不同背景下的微小动脉瘤匹配。

2.1.2 匹配度计算

匹配度是衡量模板与待匹配图像的目标区域之间相似程度的标量。常用的匹配度计算方法是相似度的计算，通常使用平方误差和 (Sum of Squared Errors, SSE)。

SSE 的计算公式如下：

$$SSE = \sum_{x,y} [T(x, y) - I(x, y)]^2 \quad (3)$$

其中， T 为模板， I 为图像的目标区域。

SSE 是一种衡量模板和匹配目标之间欧几里德距离大小的标量。如图 3 所示，两个对象之间的 SSE 是两者之间对应位置的距离累计，是对图中阴影部分绝对面积总和的大小描述，总和越小，SSE 越小，相似度越大。但是，在实际应用中，采用 SSE 度量微小动脉瘤模板与微小动脉瘤图像区域的相似性时，其误差通常偏大，并不能准确反映两者之间的形似程度。本文选用描述两者相对误差的误差和 SE 代替 SSE 来衡量匹配目标之间的误差性。

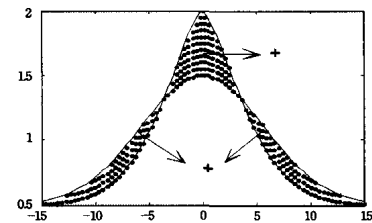


图 3 两个对象之间的平方误差和

SE 的计算公式如下：

$$SE = \left| \sum_{x,y} [T(x, y) - I(x, y)] \right| \quad (4)$$

此外结合相关系数 CC 来共同制约匹配度。

CC 的计算公式如下：

$$CC = \frac{\sum_{x,y} [T(x,y) - \bar{T}] \cdot [I(x,y) - \bar{I}]}{\sqrt{\sum_{x,y} [T(x,y) - \bar{T}]^2} \cdot \sqrt{\sum_{x,y} [I(x,y) - \bar{I}]^2}} \quad (5)$$

式中, \bar{T} 为 T 的均值, \bar{I} 为 I 的均值。

同时使用 CC 和 SE 来制约微小动脉瘤模板与微小动脉瘤图像区域的匹配度, 不仅避免了单纯使用绝对误差时导致的微小动脉瘤检测率偏低的现象, 而且解决了单纯使用相关系数导致的过度偏向线性相关而忽视两者误差的弊端, 有效地提升了使用模板匹配方法进行微小动脉瘤提取的准确率。

2.1.3 DMPT-SC 算法

DMPT-SC 算法定义模板参数向量为 $P_T = (r_T, l_T, s_T, h_T)$, 微小动脉瘤的参数向量定义为 $P_M = (r_M, l_M, s_M, h_M)$ 。DMPT-SC 算法的核心就是寻求一种计算模板动态参数的方案, 使 P_T 最大限度地平行于 P_M 。这样才能使模板与微小动脉瘤之间实现较好的匹配运算。

为了计算 P_T 中的参数, 本文给出 3 种参数取值方法, 分别是遍历取值、枚举取值和折中取值。

定义 1 (遍历取值) 设参数变量 x 的定义区间为 $[x_1, x_2]$ ($x_1 \leq x_2$), 变量精度为 d , 则 x 的遍历取值集合为集合 X 中的所有值, 其中集合 X 为:

$$X = \{x | x = x_1 + n \cdot d, x \leq x_2\}, n = 0, 1, 2, 3, \dots \quad (6)$$

定义 2 (枚举取值) 设参数变量 x 的定义区间为 $[x_1, x_2]$ ($x_1 \leq x_2$), 变量精度为 d , x 的遍历取值集合为 X , 则 x 的枚举取值集合 Y 为满足式(7)和式(8)的数值集合。

$$Y \subseteq X \quad (7)$$

$$\{x_1, x_2\} \subseteq Y \quad (8)$$

定义 3 (折中取值) 设参数变量 x 的定义区间为 $[x_1, x_2]$ ($x_1 \leq x_2$), 变量精度为 d , x 的遍历取值为集合 X , 则 x 的折中取值 z 为 X 中使折中函数 $f(x)$ 满足条件 C 的第一个单值。其中, 折中函数 $f(x)$ 为自定义评判函数, 用以评判 x 取值的优劣水平, C 为相应的评判条件。

DMPT-SC 算法中模板向量的各个参数的计算方法描述如下:

1. 为了减少计算量, DMPT-SC 算法计算半径参数 r 时选用枚举取值, 并将遍历取值作为参考区间。

2. 将灰度水平面参数 l 值设置为待匹配的微小动脉瘤图像区域 $I_M(x, y, r)$ 的背景强度值 b 。 b 的值为包围 $I_M(x, y, r)$ 区域的宽度为 w 的环形区域内像素点的平均灰度值, 如图 4 阴影部分所示。

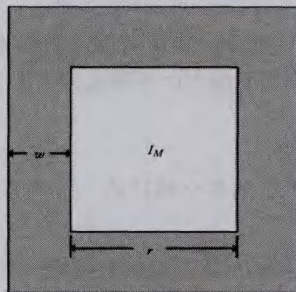


图 4 l 计算示意图

l 的计算公式为:

$$l = b = \frac{\sum I_M(x, y, r+w) - \sum I_M(x, y, r)}{(r+w)^2 - r^2} \quad (9)$$

3. 灰度高度参数 h 是模板的绝对灰度高度, 其值设置为待匹配的微小动脉瘤图像区域 $I_M(x, y, r)$ 的中心点 $I_M(x, y)$ 的相对灰度高度, 计算公式如式(10)所示。

$$h = \begin{cases} I_M(x, y) - l, & I_M(x, y) - l > 0 \\ 0, & \text{其它} \end{cases} \quad (10)$$

4. 陡峭度参数 s 的精度 d 是一个随机变量, 计算 s 采用折中取值的方式。DMPT-SC 算法将视网膜图像划分为训练集和测试集, 算法使用训练集中已经确定的微小动脉瘤区来训练参数 s 。训练初始设置 s 值为一个较小正值 s_0 , 并以一定步长 s_p 递增。折中函数 $f(s)$ 定义为进行模板匹配时训练集中所有微小动脉瘤区的平均误差总和 ASE, 评判条件 C 定义为能够使 ASE 减小的比例小于 $e\%$, 例如 20%。

现将 DMPT-SC 算法的具体实现描述如下:

1. 将图像划分为训练集 Set_1 和测试集 Set_2 , 大小分别为 M 和 N , 训练集 Set_1 中微小动脉瘤的数量为 P 。

2. 使用 Set_1 计算模板参数向量中的半径参数 r 和陡峭度参数 s , 并假设 r 共有 K 个取值。

在本文实验选用的视网膜图像成像模式下, 视网膜图像中微小动脉瘤在像素意义下的半径位于 3 像素至 10 像素之间, 令 $r_1 = 3, r_2 = 10$, 设置模板参数 r 的枚举取值集合为:

$$R = \{3, 5, 7, 10\}$$

在计算陡峭度参数 s 时, 实验使用视网膜图像训练集 Set_1 中的 134 个微小动脉瘤。令参数 s 的初始值 $s_0 = 0.5$, 步长参数 $s_p = 0.5$, 评判函数值 $f(s)$ 随陡峭度参数 s 的变化如图 5 所示。可以看出随着陡峭度参数 s 的增大, 评判函数值 $f(s)$ 呈现下降的趋势且变化越来越缓慢。实验选择评判条件中的变量 e 的值为 20, 并计算参数 s 的值作为折中取值结果, 经过计算, s 的折中取值为 3。

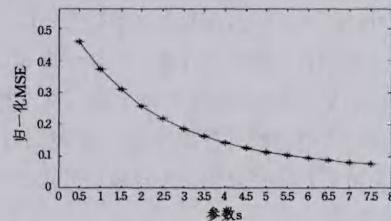


图 5 训练集中 ASE 随参数 s 变化的曲线

3. 对输入图像 I 进行模板匹配计算。首先根据式(9)和式(10)分别计算模板的灰度水平面参数 l 和灰度高度参数 h 。然后使用步骤 2 中计算得到的半径参数 r 和陡峭度参数 s 构造 K 个匹配模板, 对每个匹配模板计算相关系数 CC 与误差和 SE , 并选取最大的相关系数 CC_{max} 和最小的 SE_{min} 作为该像素点的匹配度。经过模板匹配游动, 每幅图像得到相应的相关系数图像 I_{cc} 和误差和图像 I_{se} 。

4. 对训练集 Set_1 和测试集 Set_2 中的所有图像按照步骤 3 进行模板匹配计算, 分别得到两组匹配度图像 I_{cc} 集合和 I_{se} 集合。

5. 分别采用阈值 T_{cc} 和 T_{se} 分割匹配度图像 I_{cc} 和 I_{se} , T_{cc} 由训练集 Set_1 内所有 I_{cc} 中微小动脉瘤的最小值决定, T_{se} 由训练集 Set_1 内所有 I_{se} 中微小动脉瘤的最大值决定。阈值分

割后的对应二值图像经过逻辑与运算后即为 DMPT-SC 处理后的结果。图 6 所示为图 1 经过 DMPT-SC 算法后获得的 MPC 微小动脉瘤集合。

MPC 内的区域包含了视网膜血管,本文采用文献[10]中的 MF-FDOG 算法提取到的血管结构如图 7 所示。将图 7 中的血管用于去除 MPC 内位于血管上的微小动脉瘤候选者,得到更小的微小动脉瘤候选集合,如图 8 所示。另外本文根据预先给出的生长点与判断准则还原真实大小的微小动脉瘤^[11],图 9 是经过区域生长后的微小动脉瘤检测结果。经过血管去除和区域生长后得到的集合称为微小动脉瘤候选真集。



图 6 DMPT-SC 算法检测结果



图 7 血管提取结果



图 8 提取血管后的候选集



图 9 区域生长的结果

2.2 DCS-AWS 微小动脉瘤过滤算法

本小节从图像特征信息的角度实现真假微小动脉瘤候选者的过滤,并提出一种基于分布特性的计分策略(Distribution Character-based Scoring, DCS)和自适应加权的汇总策略(Adaptive Weighted Summing, AWS)。首先使用 DCS 策略为微小动脉瘤候选者的各个特征值计算一个能够表述逼近真值程度的分值;其次,使用 AWS 策略为每个特征量计算一个表述该特征量过滤重要性的权重系数并计算加权总分;最后,通过设置及格总分的方法实现真假微小动脉瘤候选者的过滤。

2.2.1 DCS 策略

本文在检测与提取微小动脉瘤的过程中,总共使用了微小动脉瘤的 48 个特征信息。这些特征信息可以分为 4 类,分别为形状特征信息、像素特征信息、匹配特征信息和其它特征信息,如表 1 所列。

根据微小动脉瘤的各个特征量的值分布特性,将微小动脉瘤的特征量分为两类:随机特征量和趋向特征量。随机特征量的取值具有局部随机性,其值在某个区间内的分布是随机的;趋向特征量的取值往往趋向于某一特定值,该特定值可以视为特征量的最优值或理想值。本文在对两种类型的特征量进行计分处理时,分别采用了不同的分值计算方法。随机特征量采用一种基于特征值与双边临界值之间距离的最小双边距计分方法,所得分值简称为最小双边距分值,并记为 S-CV;趋向特征量采用一种基于特征值与理想值 x 之间距离的逼近分值,所得分值简称为 x 逼近分值,并记为 S-OV。

表 1 微小动脉瘤的 48 个特征

序号	变量定义	说明
1	a	微小动脉瘤的有效面积,是符合条件的微小动脉瘤区域内的像素点个数 ^[9]
2	b	微小动脉瘤的相对面积,是包含微小动脉瘤区域的最小矩形的面积
3	p	周长 ^[9]
4	m	与微小动脉瘤区域具有相同标准二阶中心矩的椭圆的长轴长度 ^[9]
5	n	与微小动脉瘤区域具有相同标准二阶中心矩的椭圆的短轴长度 ^[9]
6	r	长轴与短轴的比例 ^[9]
7	ecc	与微小动脉瘤区域具有相同标准二阶中心矩的椭圆的离心率
8	l	包含微小动脉瘤的最小矩形的长度
9	w	包含微小动脉瘤的最小矩形的宽度
10	s	长 l 和宽 w 的比例
11	c	微小动脉瘤区域的等效圆度 ^[9]
12	v	微小动脉瘤区域的密度 ^[9]
13	S _g	绿色通道下的像素值和 ^[9]
14	S _{sc}	阴影校正后的像素值和 ^[9]
15	m _g	绿色通道下的平均像素值 ^[9]
16	m _{sc}	阴影校正后的平均像素值 ^[9]
17	NS _g	标准化 S _g ^[9]
18	NS _{sc}	标准化 S _{sc} ^[9]
19	nm _g	标准化 m _g ^[9]
20	nm _{sc}	标准化 m _{sc} ^[9]
21	d _m	增强后的最大值 ^[9]
22	C _r	红色通道下的对比度 ^[9]
23	C _g	绿色通道下的对比度 ^[9]
24	C _b	蓝色通道下的对比度 ^[9]
25	C _h	Hue 通道下的对比度 ^[9]
26	R _{m1}	平均高斯响应(高斯强度=1) ^[9]
27	R _{m2}	平均高斯响应(高斯强度=2) ^[9]
28	R _{m3}	平均高斯响应(高斯强度=4) ^[9]
29	R _{m4}	平均高斯响应(高斯强度=8) ^[9]
30	R _{max1}	最大高斯响应(高斯强度=1)
31	R _{max2}	最大高斯响应(高斯强度=2)
32	R _{max3}	最大高斯响应(高斯强度=4)
33	R _{max4}	最大高斯响应(高斯强度=8)
34	Std _{m1}	标准方差(高斯强度=1) ^[9]
35	Std _{m2}	标准方差(高斯强度=2) ^[9]
36	Std _{m3}	标准方差(高斯强度=4) ^[9]
37	Std _{m4}	标准方差(高斯强度=8) ^[9]
38	CC _{max}	最大相关系数 ^[9]
39	CC _{min}	最小相关系数 ^[9]
40	CC _{mean}	平均相关系数 ^[9]
41	SE _{max}	最大误差和
42	SE _{min}	最小误差和
43	SE _{mean}	平均误差和
44	SSE _{max}	最大平方误差和
45	SSE _{min}	最小平方误差和
46	SSE _{mean}	平均平方误差和
47	R _a	微小动脉瘤区域和其最小凸多边形中的像素比例
48	R _b	微小动脉瘤区域和其最小边界矩形中的像素比例

S-CV 和 S-OV 两种分值分别定义如下:

定义 4(S-CV 分值) 设 R 是微小动脉瘤的某一特征量 V 的取值空间,空间 V 的大小 N 定义为 R 中所包含的元素的总数,即

$$N = \text{length}(R)$$

对于特征量 V 的某个特征值 v , v 的最小双边距分值 $s(v)$ 为:

$$s(v) = \frac{\min\{\text{length}(R \geq v), \text{length}(R \leq v)\}}{N/2} \times 100 \quad (11)$$

式中, $\text{length}(R \geq v)$ 为取值空间 R 中值大于或者等于特征值 v 的数量, $\text{length}(R \leq v)$ 为取值空间 R 中值小于或者等于特征值 v 的数量。

定义 5(S-OV 分值) 设 R 是微小动脉瘤的某一特征量

V 的取值空间, R 是 V 的大小, 对于特征量 V 的某个特征值 v , v 与 R 中值 v_i 的距离定义为:

$$d_i = |v - v_i|$$

(1) 当 $x = +\infty$ (或者某上限值 u) 时, 特征值 v 的 x 逼近分值 $s(v)$ 为:

$$s(v) = \frac{\text{lengh}(R \leq v)}{N} \times 100 \quad (12)$$

(2) 当 $x = -\infty$ (或者某下限值 l) 时, 特征值 v 的 x 逼近分值 $s(v)$ 为:

$$s(v) = \frac{\text{lengh}(R \geq v)}{N} \times 100 \quad (13)$$

(3) 当 $x = x_0$ 时, 特征值 v 的 x 逼近分值 $s(v)$ 为:

$$s(v) = \frac{\text{lengh}(d_i \geq d_0)}{N} \times 100 \quad (14)$$

式中, d_0 为 v 与 x_0 之间的距离。

根据上述分值计算方法, 微小动脉瘤的各个特征量在计算各自分值时所采用的计分方法如表 2 所列。

表 2 特征量的计分方法

计分	特征量序号(括号内为理想值)
S-CV	1-5, 7-9, 12, 13-20, 26-37
S-OV	6(1), 10(1), 11(1), 21(u), 22-25(l), 38-40(u), 41-46(l), 47-48(1)

2.2.2 AWS 策略

本文中采用自适应加权的汇总策略 AWS 为微小动脉瘤的各个特征值设置局部最优的权重系数, 并按照各个特征量的权重系数计算各微小动脉瘤候选者的加权总分。

AWS 策略的示意框图如图 10 所示。AWS 策略首先将视网膜图像分成对照组和实验组, 使用对照组计算特征权重系数和加权总分的及格线分值。及格线分值用于判定实验组的加权总分是否合格, 如果微小动脉瘤候选者的特征量加权总分高于及格分值, 则认为是真性微小动脉瘤; 否则, 认为是假性微小动脉瘤而被过滤筛除。

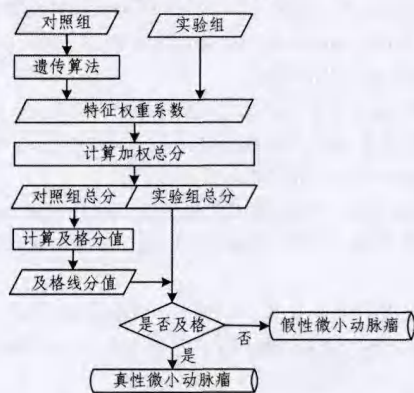


图 10 AWS 策略示意图

本文在运用 AWS 策略时, 采用遗传算法计算微小动脉瘤的各个特征量的分值权重系数^[12]。AWS 策略使用的遗传算法的基本操作如图 11 所示, 可概括为 3 部分: (1) 初始化一个随机种群, 其中的个体就是需要计算的特征量权重系数; (2) 计算适应度; (3) 选择、交叉和变异。其中, 使用的编码和解码方式为二进制编码和解码方式, 适应度函数为对照组的假阳性微小动脉瘤总数 FP 的倒数, 选择算子使用比例选择法中的轮盘赌法, 交叉算子选用均匀交叉算子, 变异算子选用基本位变异算子。

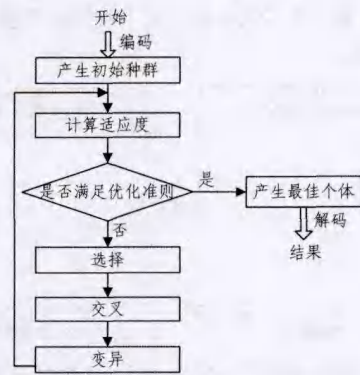


图 11 遗传算法的基本操作

如图 12 所示, 经过 DCS-AWS 微小动脉瘤过滤算法的处理, 图 9 中的微小动脉瘤候选集合经过过滤只剩下一个区域, 将其标记到彩色图像中, 如图 13 所示。比较图 1 和图 13 可以看出, 图中的微小动脉瘤得到了准确的提取。



图 12 DCS-AWS 过滤结果

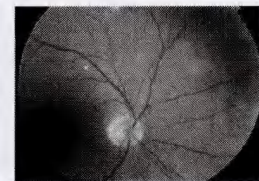


图 13 彩色图像标记

3 仿真结果与分析

为了证明本文提出的 DMPT 模板较普通“静态”模板具有更好的匹配性, 本文进行了 Matlab 仿真实验。实验基于文献[9]中相同的视网膜图像数据库, 数据库中每幅图像均来自不同的病人, 每幅图像的成像模式也并不全都相同, 且均采用 JPEG 压缩格式存储, 所使用的视网膜图像为上述数据库中随机选择的 50 幅实验组图片, Matlab 仿真平台选用 R2012a 版本, 操作系统选择 Windows 7 版本。

仿真实验分别使用普通传统的静态模板和本文提出的 DMPT 模板对上述实验组图像进行模板匹配运算, 计算每幅图像的各个像素点与匹配模板的相关系数。通过设置相关系数的不同阈值分割计算得到相关系数图像, 并计算每幅图像中的真性微小动脉瘤数量。根据每幅图像的真性微小动脉瘤个数和 50 幅图片中的真性微小动脉瘤总数分别计算“静态”模板和 DMPT 模板的匹配灵敏度。如图 14 和图 15 所示, 当相关系数阈值 T_c 分别设置为 0.4 和 0.5 时, 使用静态模板和 DMPT 模板进行微小动脉瘤的匹配运算的灵敏度变化情况如下:

(1) 当设置相关系数阈值 $T_c = 0.4$ 时, 静态模板的匹配灵敏度为 0.64, DMPT 模板的匹配灵敏度为 1;

(2) 当设置相关系数阈值 $T_c = 0.5$ 时, 静态模板的匹配灵敏度为 0.38, DMPT 模板的匹配灵敏度为 0.96。

从图中可以看出, 与传统的静态模板相比, DMPT 模板对不同灰度形态的微小动脉瘤更具适应性, 而且随着阈值的升高, DMPT 模板能够保持较高且稳定的匹配灵敏度。此外 DMPT 模板在进行匹配的过程中对模板自身的形态如区域半径、灰度水平面、陡峭度和灰度高度等进行了有效的校正, 校正后的模板与形态不一的微小动脉瘤区具有更高的相关性和近似性。因此, DMPT 模板是一种稳定且自适应的匹配模

板,能够较好地实现不同成像模式下视网膜图像中微小动脉瘤的动态匹配。

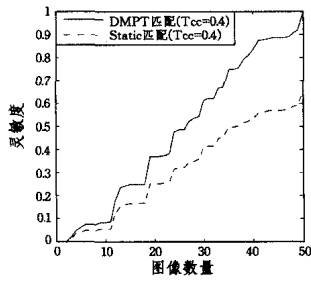


图 14 DMPT 模板和静态模板匹配灵敏度的比较 ($T_{\alpha} = 0.4$)

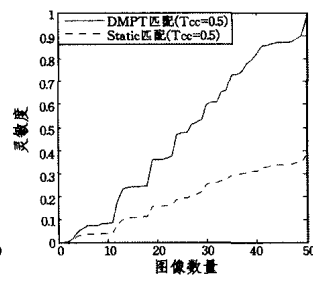


图 15 DMPT 模板和静态模板匹配灵敏度的比较 ($T_{\alpha} = 0.5$)

此外,本文还通过仿真实验与文献[9]中提出的视网膜微小动脉瘤的检测算法进行了对比,对比结果如图 16 所示。图中虚线为作者实现的文献[9]中算法的 FROC 曲线,实线为本文算法的 FROC 曲线。表 3 和表 4 分别是灵敏度比较和平均假阳性比较数据,通过比较可以看出,上述算法在微小动脉瘤的检测灵敏度上平均提高了约 12.2%,并且在相同检测灵敏度时平均假阳性率降低了约 62.5%,因此可以证明本文中的算法无论是在检测灵敏度指标上还是平均假阳性指标上都优于文献[9]中的检测算法。所以本文中的算法对视网膜图像中微小动脉瘤的检测是有效的且更具优势。

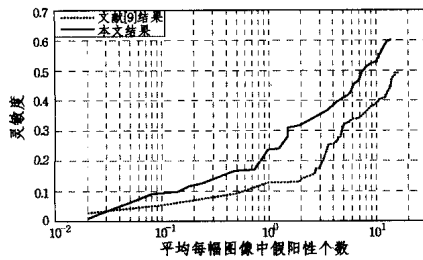


图 16 本文算法与文献[9]的比较

表 3 灵敏度比较

	文献[9]	本文	提升
灵敏度	0.481	0.603	12.2%

表 4 平均假阳性比较

	文献[9]	本文	降低
灵敏度=0.1	0.55	0.14	74.5%
灵敏度=0.2	3.25	0.84	74.2%
灵敏度=0.3	4.72	1.48	68.6%
灵敏度=0.4	10.38	4.62	55.5%
平均值	4.725	1.77	62.5%

结束语 本文主要针对微小动脉瘤的模板匹配算法和特

征提取算法做了相应的研究,由于时间有限,本文还存在一些问题需要继续深入研究和改进,例如,为了降低算法的计算复杂度,文中 DMPT 模板的陡峭度系数选用了折中取值的方法,该方法虽然能最大程度地使折中函数满足评判条件的要求,但仍与变化不定的微小动脉瘤形态产生矛盾。如何选用更为合适的陡峭度系数,有待进一步研究。

参考文献

- [1] Fong D S, Aiello L, Gardner T W, et al. Diabetic retinopathy [J]. Diabetes Care, 2003, 26: 226-229
- [2] Baudoin C E, Lay B J, Klein J C. Automatic detection of microaneurysms in diabetic fluorescein angiographies [J]. Revue D'épidémiologie et de Sante Publique, 1984, 32: 254-261
- [3] Gardner G G, Keating D, Williamson T H, et al. Automatic detection of diabetic retinopathy using an artificial neural network; a screening tool [J]. Br. J. Ophthalmol, 1996, 80: 940-944
- [4] Niemeijer M, Ginneke B, Mizutani V A, et al. Retinopathy online challenge; automatic detection of microaneurysms in digital color fundus photographs [J]. IEEE transactions on medical imaging, 2010, 29: 185-195
- [5] Fleming A D, Philip S, Goatman K A, et al. Automated microaneurysms detection using local contrast normalization and local vessel detection [J]. IEEE transactions on medical imaging, 2006, 25: 1223-1232
- [6] Walter T, Massin P, Erginay A, et al. Automatic detection of microaneurysms in color fundus images [J]. Medical image analysis, 2007, 11(6): 555-566
- [7] Niemeijer M, van Ginneken B, Staal J, et al. Automatic detection of red lesions in digital color fundus photographs [J]. IEEE transactions on medical imaging, 2005, 24(5): 584-592
- [8] Sinthanayothin C, Boyce J F, Williamson T H, et al. Automated detection of diabetic retinopathy on digital fundus images [J]. Diabetic medicine, 2002, 19: 105-112
- [9] Bob Z, Qian W, Jane X Y, et al. Detection of microaneurysms using multi-scale correlation coefficients [J]. Pattern Recognition, 2010, 43: 2237-2248
- [10] Bob Z, Lin Z, Lei Z, et al. Retinal vessel extraction by matched filter with first-order derivative of Gaussian [J]. Computers in biology and medicine, 2010, 40: 438-445
- [11] Gonzalez R C, Woods R E. Digital Image Processing (第二版) [M]. 阮秋琦, 阮宇智, 等译. 北京: 电子工业出版社, 2007: 496-498
- [12] Yuen S Y, Chow C K. A Genetic Algorithm That Adaptively Mutates and Never Revisits [J]. IEEE transactions on evolutionary computation, 2009, 13: 454-472

(上接第 263 页)

- [7] Lazebnik S, Schmid C, Ponce J. Beyond bags of features; spatial pyramid matching for recognizing natural scene categories[C]// IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2006: 2169-2178
- [8] Yang J, Yu K, Gong Y, et al. Linear Spatial Pyramid Matching Using Sparse Coding for Image Classification[C]// IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 2009:

1794-1801

- [9] Russakovsky O, Lin Y, Yu K, et al. Object-centric spatial pooling for image classification[C]// European Conference on Computer Vision, 2012
- [10] Yao Bang-peng, Li Fei-fei. Recognizing Human-Object Interactions in Still Images by Modeling the Mutual Context of Objects and Human Poses[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2012, 34(9): 1691-1703