

文章编号: 1674-8085(2016)03-0041-07

一种面向最近邻分类器和动态 Snake 模型的 红细胞图像特征提取方法

*黄 伟, 周鸣争, 赵森严

(安徽工程大学计算机与信息学院, 安徽, 芜湖 241000)

摘 要: 利用动态可变的 Snake 活动轮廓模型, 并提取相应的特征区域色彩信息, 结合改进的最近邻 (Nearest Neighbor, NN) 分类器核鉴别算法, 通过信息融合方法实现对红细胞图像的特征精确提取, 这种方法可应用于临床辅助检测和诊断过程, 具有一定的应用价值。

关键词: Snake 模型; NN 分类器; 特征提取

中图分类号: TP391

文献标识码: A

DOI:10.3969/j.issn.1674-8085.2016.03.009

FEATURE EXTRACTION METHOD OF RED BLOOD CELL BASED ON ACTIVE SNAKE MODEL AND NEAREST NEIGHBOR CLASSIFIER

*HUANG Wei, ZHOU Ming-zheng, ZHAO Sen-yan

(College Of Computer And Information, Anhui Polytechnical University, Wuhu, Anhui 241000, China)

Abstract: Recently Snake model has been widely used on image extraction and recognition. The key is feature extraction of the contour. The important problems focus on algorithm efficiency and misextraction. NN Classifier is also used with its simplicity. We describe the Snake Model on Red Blood Cell image. A method is proposed that we use improved NN Classifier and color information to detect the contour of feature extraction. The method can be effectively applied in the process of clinical diagnosis.

Key words: Snake model; NN classifier; feature extraction

近年来, 针对特定医学图像的特征提取和后续分割识别处理已成为研究和应用热点, 而在图像分割及识别处理过程中, 最主要的关键环节是对图像目标及特征区域的有效提取。由于医学图像 (显微图像、超声图像、MRI 等) 一般包含的信息量大, 边界、细节、轮廓、组织、病灶等特征细节丰富, 必然带来庞大的数据量, 为降低数据量, 保证图像后续分析质量, 提高图像识别效率, 必须对图像特征进行有效地提取。图像提取是指利用图像特征 (视觉特征和统计特征等) 把图像分解成一系列有

意义的目标和区域, 即将图像中具有特殊意义的不同区域分离开, 并使这些区域相互不相交, 且每个区域应满足特定区域的一致性条件。图像特征提取和后续分割属于计算机底层视觉, 是图像分析和模式识别的首要问题, 是从图像处理过渡到图像分析的重要环节, 同时也是图像处理中的主要难题之一, 它决定了图像的最终分析质量和模式识别的判别结果。图像特征提取可以采取三种不同方法来实现: (1) 利用区域的方法把各像素划归到各个物体或区域中; (2) 利用边界的方法需要确定存在于区

收稿日期: 2016-01-10; 修改日期: 2016-04-10

基金项目: 安徽省自然科学基金项目 (1608085QF154); 安徽工程大学计算机应用技术重点实验室开放基金资助项目 (JSJKF201503)

作者简介: *黄 伟(1981-), 男, 浙江余姚人, 讲师, 硕士, 主要从事可视化媒体信息处理及医学图像分析研究(E-mail: yfworld@163.com);

周鸣争(1958-), 男, 安徽枞阳人, 教授, 主要从事图像处理与模式识别研究(E-mail: mzzhou@ahpu.edu.cn);

赵森严(1983-), 男, 安徽和县人, 讲师, 硕士, 主要从事可视化信息处理、无线传感网络等研究(E-mail: 164918916@qq.com)。

域间的边界；(3) 将特征区域和边界进行有效融合构成所需的轮廓^[1]。

Snake (活动轮廓模型) 是由 **Kass** 等人于 1987 年首次提出^[2]，并被广泛应用在数字图像分析和计算机视觉与模式识别等领域，能较好地完成边界检测和提取。活动轮廓模型作为一种形变模型，通过在其能量函数中加入梯度矢量外力，构造动态 **Snake** 模型，通过求取能量函数的最小值，可解决特征轮廓的优化提取。将动态 **Snake** 模型与其他方法有效融合，可以实现特征显著图像的有效提取。医学显微图像特征显著，包括边界和轮廓等丰富的细节特征，对其进行特征提取完全可以借助动态 **Snake** 模型。最近邻 (Nearest Neighbor, NN) 分类器^[3]是特征提取和模式识别中最基础的分类方法之一，其概念简单，分类算法灵活，因此在图像特征提取和分类中得到了广泛应用，NN 分类器的图像特征和细节分类处理过程高度依赖于图像的显著特征，例如清晰的边界和组织轮廓，这恰好与动态 **Snake** 模型的轮廓边界提取过程有效契合。

本文围绕血细胞彩色图像的组织 and 病灶特征提取，基于动态 **Snake** 模型提出改进的轮廓提取方法，面向 NN 分类器应用核鉴别算法，实现对血细胞图像特征更加快速而有效地提取。该算法的实验结果可为后续检测诊断提供准确的实时信息和客观依据，同时也是实现医学三维重建模型研究的基础，因此在显微图像特征提取处理及计算机辅助诊断决策中具有一定的实际应用价值。

医学图像特征提取技术具有广泛的应用前景和较大的实用价值，特别是针对显微图像、超声图像等临床常见图像特征信息的提取处理和辅助诊断已经成为国内外的研究热点，尤其在美国、欧洲等国家已经开展了大量相关项目的研究和实验。总体而言，国内外研究者对于显微图像特征提取技术做了大量的应用研究。其中具有代表性的方法是：

1) 特征空间聚类。这种方法不需要训练集，但需要事先确定分类个数，且初始参数对分类结果影响比较大；由于聚类没有考虑空间整体约束信息，具体到特定显微图像，对于噪声较为敏感。**K**-均值聚类，模糊 **C**-均值聚类等是最常用的分类方法。为加快提取运算速度，有学者提出了显微图像检测中边界与靶向目标特征的图像数据分类结构，将红细胞特征边界模板与初始轮廓匹配，获得了较

好的病灶特征提取效果。

2) 阈值法。阈值法不需要先验信息，且计算量较小，缺点在于：单独基于颜色提取得到的区域可能是不完整的；在复杂图像的各个分量图中并不一定存在明显的谷，用来进行阈值化处理和提取；颜色信息会发散；没有利用局部空间信息。**Noah** 提出了把 3 维颜色空间投影到二维平面，以解决细胞显微图像特征区域边界阈值的确定问题，提出了对于上皮细胞内膜的多级颜色特征提取方法，**Navon** 等人提出了自适应局部阈值的 **B** 细胞核提取方法^[4]。

3) 区域分类方法。基于区域的特征提取方法包括区域生长和区域分裂。区域生长的固有缺点是提取效果依赖于种子点的选择和生长顺序，失误率较高；区域分裂技术的缺点是可能会使边界破坏；基于区域的方法同时考虑了图像的颜色信息和空间关联信息，所以总体效果好，但算法复杂实时性不理想。也有学者提出了一种分层的提取分类方法，有效解决了全局和局部信息的统一，利用浸没模拟思想在血细胞检测处理中应用分水岭提取算法，计算量较小，能有效提取出细胞病灶的完整边界。

4) 边缘检测。边缘轮廓是最重要的图像特征，在彩色显微图像中，用于边缘特征提取的信息更加丰富，例如色调，亮度等。研究表明，亮度分量可检测出大部分边缘信息，但在低对比度图像中，亮度边缘会丢失，色度边缘则不会。边缘检测方法通常和基于区域的方法结合，来提高特征信息和避免边界的过度提取，利用边缘的丰富信息可实现对于贫血型红细胞典型的镰刀形状特征提取^[5]。

同时结合特定理论工具，将其与传统方法融合实现图像特征提取也是近年来的趋势。

目前，**Snake** 活动轮廓模型由于良好的实时效果已经被大量应用在图像信息实时特征提取处理过程中，如医学超声图像、显微图像等的特征提取和分割等，能够降低所需的时间成本和经济成本。由于各种类型的医学目标图像具有不同的颜色、轮廓及纹理特征，在具体的特征提取及后续分割处理过程中，要结合不同目标图像的具体特征，有效运用 **Snake** 模型方法完成处理；医学图像中的重要信息（例如边缘、组织、病灶等）一般都具有边界和轮廓的显著约束特征，因而大多可以借助 **Snake** 模

型完成特征提取,之前我们将改进的法向梯度矢量流 NBGVF Snake (Normally Based Gradient Vector Flow) 模型应用于肝脏超声病灶的提取过程^[6],肝脏图像中病灶主体特征呈现圆形轮廓约束边界,因此直接利用改进的可变 Snake 模型取得了较好的处理效果;同时由于肝脏超声图像的噪声较大,使得利用其它方法和 Snake 模型进行融合受到了局限,会在一定程度上削弱 Snake 模型的优越性,所以在对不同的医学图像进行活动轮廓建模时,要根据所处理图像的基本特征,选择合适的方法,例如超声图像、CT 图像的特征提取可以单纯基于 Snake 模型或其改进方法,而其他图像则必须借助其他方法进行融合。因而,在显微图像的具体处理应用中可以活动轮廓模型作为核心方法,结合图像特定区域的颜色特征和先验信息来快速提取初始边界轮廓,增强特征提取的处理能力和灵活性,进一步提高图像的处理质量,满足系统需求。

在上述的特征提取及聚类方法中,引申并借助 NN 分类器也可取得较好的图像特征提取效果。Li 和 Lu^[7]提出了最近邻特征线 (Nearest Feature Line, NFL) 分类器,Chien 和 Wu^[8]进一步提出了最近邻特征平面 (Nearest Feature Plane, NFP) 分类器,较好解决了细胞结构的边界分类。NFL 和 NFP 分类器的算法复杂度较高,Zheng 等^[9]对其进行了改进,结合核鉴别函数提出了优化的最近邻分类器,其主要思路是不计算测试样本与所有样本之间的特征线或特征平面的距离,而是只计算测试样本与每类中最近邻的两个(或三个)样本所对应的特征线(或特征平面)的距离。通过假设同一类的样本处于同一子空间中,可实现线性回归分类 (Linear Regression Classification, LRC) 方法,与 NN 分类器相比,这些改进的方法重点在于充分利用从样本集抽取的特征进行分类提取,进而找到初始特征轮廓,这也为 Snake 模型与 NN 分类器的融合提供了条件。Yang 等^[10]针对医学显微图像的特征,提出了利用分类器来设计鉴别轮廓函数的思想,并从基于局部最小重构误差 (Minimal Local Reconstruction Error, MLRE) 的分类器出发,设计了对于 MLRE 分类器最优的特征抽取算法。随后,又设计了面向 LM-NN 的最近邻鉴别分析 (Local Mean based Nearest Neighbor Discriminant Analysis, LM-NNDA) 方法。通过对最近邻特征线和最近邻

特征平面进行推广,也提出了最近邻特征空间嵌入算法。基于 LRC 分类器提出最优的重构鉴别分析 (Reconstructive Discriminant Analysis, RDA) 算法。但是这些特征抽取算法的目标函数与相应的分类器并没有直接的联系,因此无法从理论上保证其能最小化相应的分类器错误率,解决的关键之处在于如何设计将特征初始轮廓的提取与 NN 分类器的分类过程合并融合从而达到最优的特征提取效果。

1 基于动态 Snake 模型及 NN 分类器的血细胞特征提取方法

1.1 基于动态 Snake 模型的初始轮廓确定

动态 Snake 模型曲线的总能量可以描述为轮廓的弹性势能,轮廓的弯曲势能和与图像有关的外部能量之和。其中外部能量是活动轮廓模型所要讨论的主要问题,即以什么样的数学表达来描述所要提取特征区域的物理边缘。它把图像中感兴趣的物体轮廓看作一条连续的,封闭的或开放的链条结构,并设计了一类能量函数,通过求取能量的最小值,来获得最优轮廓。此模型将几何学,物理学,近似理论等结合在一起,已成为一种图像处理的重要方法。本文借助梯度矢量外力构建动态 Snake 模型实现对于初始轮廓的特征提取和确定。

1.2 基于改进的 NN 分类器构建核鉴别函数提取血细胞图像特征轮廓

由前述内容可知,要根据具体医学图像的个性特征来有效利用并发挥 Snake 模型的优势,将动态 Snake 模型和其他方法有效融合,可以显著提高特征提取的质量和效果。血细胞图像作为一种特定的显微图像,有其区别于其他图像的特点,例如细胞图像特征中大多有类似圆形的边界和轮廓,因此完全可以借助 Snake 模型对其特征构建能量函数;但同时细胞图像又有别于超声图像,图像噪声相对较小,轮廓特征虽然较多,但由于细胞核、细胞膜等轮廓没有显著的纹理特征差异,难于有效利用动态 Snake 模型对边界进行提取,在处理过程中会造成无效提取或过度提取的问题;针对血细胞图像特征的提取,必须在运用动态 Snake 模型方法的基础上,结合图像噪声较小的特点,借助一种分类方法,对于能量函数进行重构,有效提取出正常细胞

组织特征轮廓和病灶轮廓。综上所述,可以借助 NN 分类器构建核鉴别函数来实现前面所述的处理过程。NN 分类器是在假设样本所在的空间是各维同质、各向同性的条件下,基于样本间的欧式距离实现最近邻样本的选择;另外,对于 NN 分类器而言,只有当样本数趋向无穷大时,其错误率才是在理论上是有保证的。但是在红细胞特征提取中,其样本数是有限的,样本的数目一般远远小于特征的个数,且同质同性的假设往往不成立,因此不利于提高特征分类和提取效果。为了改善 NN 的分类提取性能,将动态 Snake 模型的初始轮廓能量函数与分类器核鉴别函数有效结合起来,将单个红细胞作为靶向模板区域,由于细胞大多呈不规则圆形形态,因此可将其统一约束为圆形,并将细胞凹陷边界作为初始轮廓的逼近目标,将核鉴别函数与 Snake 初始轮廓作卷积,可以得到一种自适应的动态距离度量来进行最近邻分类,从而提升对于红细胞组织边界和病灶特征的提取分类效果。同时根据分类后得到的初始轮廓边界,求得一个局部的距离度量,继续完成并修正 Snake 轮廓的逼近,从而进一步提高提取和分类的正确率。

特征抽取和分类是图像识别过程中两个重要的组成部分,处于两个相对独立的阶段。通常情况下,二者是分离的,本文面向红细胞图像完成特征提取,基于红细胞图像的局部特征,将二者进行直接关联,特征抽取和分类器有效结合在一起,达到了最佳的病灶区域提取识别性能。在 Snake 模型优化生成初始轮廓的基础上,构造最优的核鉴别函数,将特征抽取和分类器捆绑在一起,使得病灶区域提取性能达到最佳。同时对面向分类器的特征抽取算法进行优化改进。由于红细胞图像含有大量的组织边界和病灶信息,目前区域初始轮廓区域边缘形状都可类似约束为圆形,部分包含模糊的凹陷不连续边界,因此可利用这些特征信息丰富的轮廓加以提取,同时在边缘提取中利用这些信息。为了检测出病灶边缘信息,首先必须寻找出初始轮廓,为了确定轮廓像素点,本方法基于病灶先验特征信息构造能量函数模拟初始边缘,根据不同病灶并结合能量函数的灵活性构造核鉴别函数,使得初始轮廓是动态可变的,同时又提高了活动轮廓模型的灵活性。改进的分类器核鉴别函数表达定义如下:

$$F(w) = -|D(\text{denoise}(I(x(i), y(i))))| \quad (1)$$

F 为核鉴别目标函数, w 为分类量化因子,在确定过程中要结合不同病灶的先验信息。一般用一个 3×3 或 5×5 卷积模板来确定像素是否是局部同质区域即病灶的中心,对于轮廓较大的病灶区域可适当扩大卷积模板以适应复杂的扩散过程,通过对这个目标函数进行优化,最后得到的投影矩阵就是和最近邻分类器直接相关的,且能最小化最近邻误差错误率。为了进一步提高算法的效率,构造模板如下:

$$W = \begin{pmatrix} ggg \\ ggg \\ ggg \end{pmatrix} * \begin{pmatrix} 100 \\ 010 \\ 001 \end{pmatrix} \quad (2)$$

将图像 I 与模板 W 作卷积,结果如下:

$$I \times W = 1/9 \times \sum_{x=m-1}^{m+1} \sum_{y=n-1}^{n+1} gP(m, n) \quad (3)$$

综上所述,利用核鉴别函数就把病灶图像边缘特征提取问题转换成区域中心点的寻找问题,从上述算法过程可以看出,算法实现较为简单。

基于动态 Snake 模型的方法虽然大大简化了实际问题,算法简单,但对卷积结果会造成病灶图像边缘信息和凹陷位置的漏检,而且单纯利用偏梯度矢量流描述初始轮廓作为核鉴别函数,会存在提取边缘信息不完整和漏检的缺点。针对这样的情况,本文在新的特征表示下对 NN 分类器性能度量函数进行连续化,把核鉴别算法的目标函数和 NN 分类器性能度量函数用一个调和因子加权的形式统一到一个关系式中,使得特征抽取后的样本具有最小类内离散度,最大的类间离散度和最低的 NN 分类错误率。对于目标函数的求解,首先用核技巧把目标函数转化为与核矩阵相关的形式,然后利用梯度下降法对目标函数进行优化,以获得比较好的轮廓特征提取效果。

1.3 合局部流形特征信息的 NN 分类器病灶特征抽取方法

红细胞病灶区域边界一般具有流形分布特征,为了能引入局部流形信息,首先构造能反映细胞样本间近邻关系的拉普拉斯矩阵,在这里,将借鉴 LPP (Locality Preserving Projections, LPP) 算法的思路来设计,但是施加不同的约束,同时也将引入类别信息;考虑到一些细胞正常组织与病灶区域的局部相似性,为了降低最近邻特征空间分类器的算法复杂度,将从样本局部重建的角度出发,找出

每类中与测试样本最近邻的几个样本,然后计算重建误差(或距离)来进行分类。为了能求出最终的投影矩阵,考虑在新的特征表示下如何设计最近邻特征空间分类器的性能度量函数:先计算一个样本在新的特征表示下与其类内其它样本的重建误差(或距离),然后找出此样本用其它类进行重建时误差最小的类,在上述核鉴别目标函数的基础上,借鉴对 NN 分类器的性能度量函数进行连续化的思路,把上述各项进行线性加权的形式统一到一个求解最小值的关系式中。由于此函数不是个凸函数,不能直接求出全局最优解,利用分步迭代的求解过

程,可以求出一个局部最优解,进而得到最终的特征边界提取效果。

2 实验结果与分析

本文依托的系统算法设计平台是某大型医院影像信息系统中的显微图像工作站,算法测试环境采用 VC6.0,原始图像由 SIMENS 临床系统产生,选取其中血红细胞类族图像,对比本文方法和动态活动轮廓模型算法的特征提取效果,实验结果及分析如下:

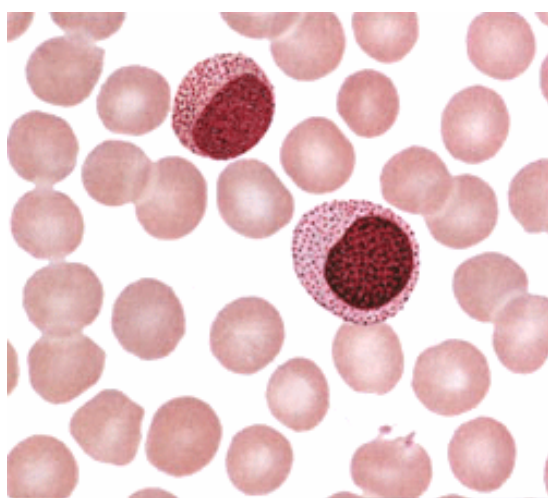


图1 血红细胞图像 1
Fig.1 Red Blood Cell image 1

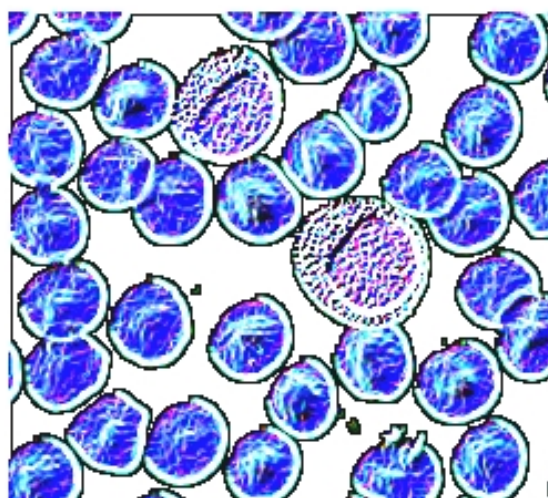


图2 动态 Snake 模型提取结果 1
Fig.2 Active Snake applied with image 1

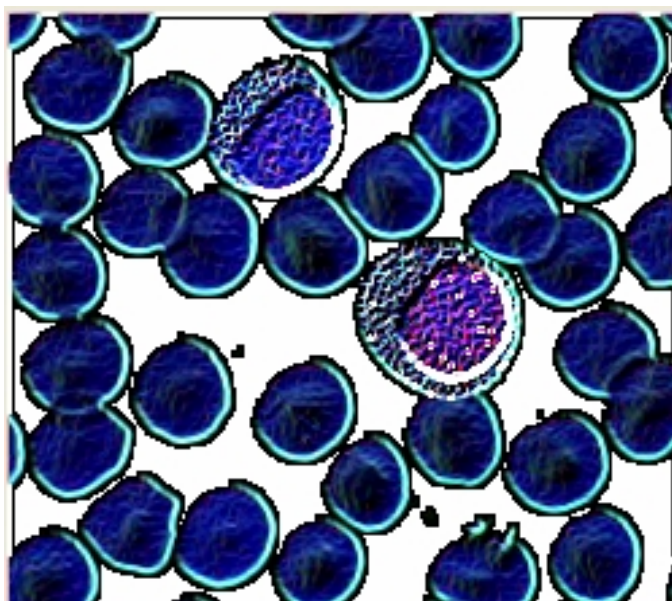


图3 本文改进方法提取结果 1
Fig.3 Improved method applied with image 1

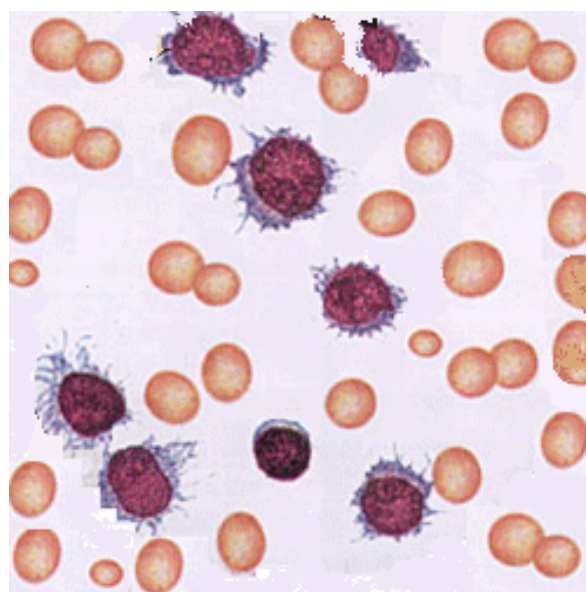


图4 血红细胞图像 2
Fig.4 Red Blood Cell image 2

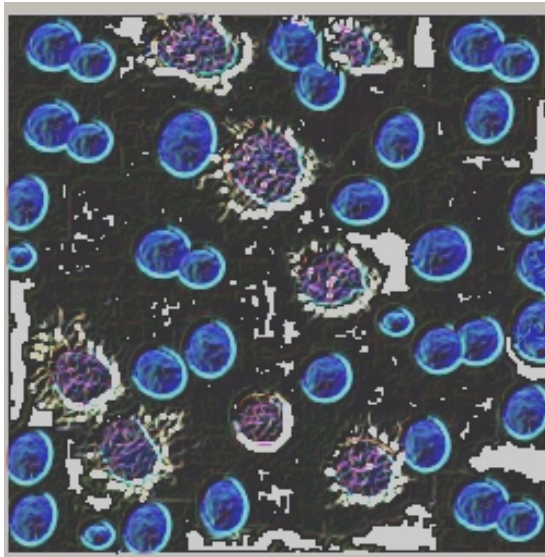


图5 动态 Snake 模型提取结果 2

Fig.5 Active Snake applied with image2

上述图中, 图 1 是正常的血红细胞彩色图像, 没有病灶区域, 细胞内部和外侧特征明显; 图 4 为异常血红细胞图像, 外侧出现带状毛细粘连。图 2 和图 5 分别为直接应用动态 Snake 模型进行特征提取的执行结果。图 3 和图 6 是采用本文中的改进方法进行特征提取处理的结果。

以两幅血红细胞图像作为研究目标, 首先在图像工作站系统中分别对其进行初始化处理, 目的在于去除不必要的图像噪声, 同时后续会对不同噪声比例下的提取结果进行信噪比的分析 and 比较; 对于处理完毕的初始化图像, 我们可以结合医生的临床判断和先验信息, 手动确定病灶和特定结构组织的轮廓并保留提取结果, 以备后续针对动态 Snake 方法和本文方法的提取结果进行比较分析。对于两幅图像分别用动态 Snake 模型算法进行初始轮廓建模, 将其不同组织的边界外力作为初始能量函数, 同时进行特征轮廓的提取和逼近, 获取最终的特征提取结果; 同时应用本文方法, 首先分别对于两幅图像进行初始活动轮廓的确定, 此时主要基于细胞的显著约束特征, 例如可将细胞边界特征约束为若干不规则圆形; 在此基础上, 借助改进的 NN 分类器, 将核鉴别函数与 Snake 初始轮廓作卷积, 以检测和提取图像目标边界丰富的细节特征。其次考虑到血红细胞病灶区域边界一般具有的流形分布特征, 将局部流形信息融合到核鉴别函数中, 利用分步迭代的求解过程, 得到本文优化方法的最终特征提取效果。

按照以上研究思路并对实验结果进行分析可以得出: 图 2 中虽然大致提取出细胞组织轮廓, 但

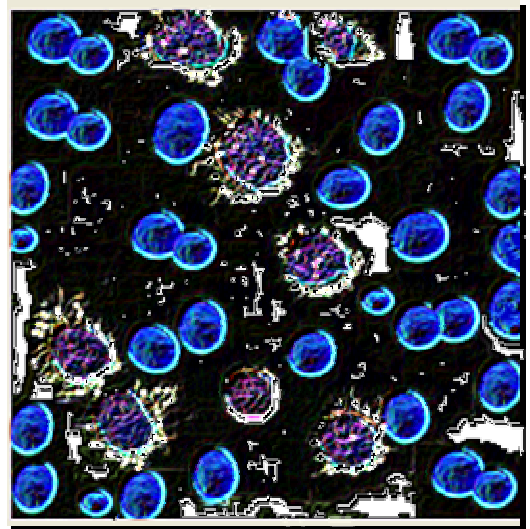


图6 本文改进方法提取结果 2

Fig.6 Improved method applied with image 2

总体噪点较多, 提取效果欠佳, 特别是血红细胞内膜凹陷边界有粘连, 提取的轮廓模糊, 而内膜凹陷恰恰是最主要的特征信息。同时提取的细胞轮廓边界不明显, 对于细胞核有过度提取; 图 3 是对图 1 使用本文算法得出的结果。由于结合 NN 分类器函数, 并利用了区域颜色空间的特征构造了初始轮廓的核鉴别函数, 因此取得了比较好的提取效果, 结果较图 2 更加明确, 边缘更加完整连续, 较好地提取出细胞内镰刀状轮廓特征, 特别是细胞连接处的凹陷边界被明确提取出, 且细胞间隙处的不明显轮廓也被检测和提取出来, 对于后续临床诊断具有一定参考价值。虽然算法有迭代过程, 取得了比原有方法更好的效果, 但对特定组织的特征提取还需要结合更多先验信息完成轮廓确定; 图 5 是动态 Snake 模型直接应用到第二幅图像的结果, 从提取结果可以看出, 图像模糊, 初始边缘提取效果较差, 细胞病灶区域的带状边界出现了大量粘连, 对噪声敏感, 不能满足后续识别的要求, 红细胞轮廓不能完成提取, 边界不连续, 特别是两个较大细胞中的细胞核轮廓不连续, 未被完整提取出来; 图 6 则是利用文中的改进方法得出的实验结果, 边缘提取效果显著提高, 图中细胞轮廓基本被完整地提取。由于使用了 NN 分类器函数, 较好地解决了凹陷边界的提取问题, 图中细胞膜中的凹陷位置区域以及较大细胞中细胞核的凹陷轮廓位置被很好地提取出来, 效果显著提高。将正常区域和可能的病灶区域分割开, 结合了病灶区颜色特征以及先验判断, 虽然核鉴别函数算法有一定复杂度, 但较好地完成了图像特征区域的定位和提取, 不足之处在于轮廓边缘连

接处的提取效果一般。综上所述,本文方法是有效的,算法效率和实时性上值得进一步研究改进。

针对动态 Snake 方法和本文方法的提取结果,结合手工提取结果并采用平均绝对距离 MAD (Mean Absolute Distance)^[11]来分析轮廓的提取效果,设手工分割结果为 H ,应用动态 Snake 方法和本文改进算法的结果分别为 U 和 V ,则有

$$MAD(U, H) = 0.5 \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n d(u_i, H) + \frac{1}{k} \sum_{j=1}^k d(h_j, U) \right) \quad (4)$$

$$MAD(V, H) = 0.5 \left(\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n d(v_i, H) + \frac{1}{k} \sum_{j=1}^k d(h_j, V) \right) \quad (5)$$

其中 $H = \{h_1, h_2, \dots, h_k\}$ 表示手工提取轮廓上的点, $U = \{u_1, u_2, \dots, u_n\}$, $V = \{v_1, v_2, \dots, v_n\}$ 分别表达的是动态 Snake 算法和本文方法提取轮廓上的点。在(4)式和(5)式中分别表达了轮廓点的平均最小距离 $d(u, H) = \min \|u - h\|$, 对于 V , 有 $d(v, H) = \|v - h\|$, 针对于两幅序列图像, 使用动态 Snake 方法提取后轮廓平均 MAD 值为 0.61 像素和 1.21 像素, 采用本文方法处理后平均 MAD 值为 0.53 像素和 1.15 像素, 轮廓点的平均距离均小于前者, 如果能有效结合临床先验信息, 会在一定程度上进一步提高特征提取及后续识别的效果。

同时,在提取处理的过程中,采用本文方法对于血红细胞的图像整体降噪也取得了一定的效果,明显优于动态 Snake 方法。以血红细胞图像 2 为例,由下式计算峰值信噪比(PSNR)进行客观评价^[12]。

$$PSNR = 10 \lg \left[\frac{3 \times N \times 255^2}{\sum_{j=1}^N (V_i - U_i)^2} \right] \quad (6)$$

式中 V_i 为原始非噪声图像像素值; U_i 为提取后的图像相应位置像素值。利用 PSNR 进行客观评价,结合两种提取方法进行对比,峰值信噪比结果见表 1。

表1 不同噪声比例下的提取结果信噪比
Table1 The signal-to-noise ratio based on different noise proportion

噪声比例	噪声图像	动态Snake方法	本文方法
5	18.53	25.11	25.89
10	15.52	24.23	24.75
15	13.89	23.36	23.81

3 结论

面向显微图像的基本特征和信息,基于动态 Snake 模型和 NN 分类器,提出了一种改进的血红细胞图像特征提取方法。借助图像全局信息和局部流形分布特征构建 NN 分类器核鉴别函数,同时利

用优化的特征能量函数获取图像特征的轮廓边界,根据不同病灶并结合能量函数的灵活性构造特征轮廓,通过实验研究和分析证明本文方法是可行的。这种方法较之传统的动态 Snake 模型有更好的特征提取效果,由于利用了改进的 NN 分类器,提高了计算效率,在一定程度上改善了提取方法的效果,提取并保留了更多丰富的图像特征细节,同时减少了误检和漏检。不过,在特征提取的自适应处理方面还值得进一步的研究。

参考文献:

- [1] Heath M, Sarkar S, Sanocki T, et al. Comparison of edge detectors: a methodology and initial study[J]. Computer vision and image understanding, 1998, 69(1): 38-54.
- [2] 夏利民,谷坟.基于自适活动轮廓的图像分割[J].长沙铁道学院学报,2001,22(2):2-4.
- [3] Cover T M, Hart P E. Nearest neighbor pattern classification[J]. IEEE Transactions on Information Theory, 1967, 13(1): 21-27.
- [4] Villegas M, Paredes R. Dimensionality reduction by minimizing nearest-neighbor classification error[J]. Pattern Recognition Letters, 2011, 32(4): 633-639.
- [5] Naseem I, Togneri R, Bennamoun M. Linear regression for face recognition[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2010, 32(11): 2106-2112.
- [6] 黄伟,卢桂馥.一种基于可变Snake模型的肝脏超声病灶图像分割方法[J].井冈山大学学报:自然科学版, 2014,35(4):48-50.
- [7] Li S Z, Lu J. Face recognition using the nearest feature line method[J]. IEEE Transactions on Neural Networks, 1999, 10(2): 439-443.
- [8] Chien J T, Wu C C. Discriminant waveletfaces and nearest feature classifiers for face recognition[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2002, 24(12): 1644-1649.
- [9] Zheng W, Zhao L, Zou C. Locally nearest neighbor classifiers for pattern classification[J]. Pattern Recognition, 2004, 37(6): 1307-1309.
- [10] Mitani Y, Hamamoto Y. A local mean-based nonparametric classifier[J]. Pattern Recognition Letters, 2006, 27(10): 1151-1159.
- [11] Wang Y Q, Jia Y D. A novel approach for segmentation of cardiac magnetic resonance images[J]. Chinese Journal of Computers, 2007, 30(1): 129-136.
- [12] 章毓晋. 图像工程(上册) [M]. 北京:清华大学出版社, 2002.