

基于动态融合蚁群遗传算法的医学图像配准

张石¹, 杜恺^{1,2}, 张伟¹

(1. 东北大学信息科学与工程学院, 沈阳 110004; 2. 中国人民解放军 93115 部队, 沈阳 110031)

摘要: 将基于动态融合的蚁群遗传算法作为一种新的图像配准优化算法应用在多模医学图像配准中。该算法以互信息作为相似性测度, 生成初始信息素分布, 采用蚁群算法搜索最优变换参数, 其中动态融合策略提高了混合算法的搜索效率。仿真实验结果表明, 该算法有效地避免信息函数的局部极值, 减少大量重复运算, 提高了配准的效率, 配准结果具有良好的稳定性。

关键词: 蚁群算法; 遗传算法; 动态融合; 互信息; 图像配准

Medical Image Registration Based on Dynamic Combination of Genetic Algorithm and Ant Colony Algorithm

ZHANG Shi¹, DU Kai^{1,2}, ZHANG Wei¹

(1. Information Science and Engineering College, Northeastern University, Shenyang 110004;

2. The 93115 Army of the Chinese People's Liberation Army, Shenyang 110031)

【Abstract】 This paper advances a new optimization algorithm of image registration based on the dynamic combination of genetic algorithm and ant colony algorithm, then it is applied to multimodality medical image registration. This algorithm applied mutual information as the similarity measurement, firstly generates initialization pheromone distribute, then searches the best parameters using genetic algorithm, in the algorithm the strategy of dynamic fusion improves efficiency of searching. Experimental results show that the new registration method can efficiently restrain the local maxima of mutual information function, avoid vast repeated calculations, improve the efficiency of image registration. Furthermore it is excellent in robustness.

【Key words】 ant colony algorithm; genetic algorithm; dynamic combination; mutual information; image registration

多模医学图像配准是将同一部位的不同成像模式的两组图像通过获得一个最优变换而对应起来, 使两组图像之间的信息能够在同一空间坐标下同时表达。近年来, 基于互信息量的图像配准算法得到越来越多的应用, 该方法在配准前不需要任何特征提取预处理, 而且对于图像之间的像素灰度值并不要求具有某种特定的相关性, 因此, 可以适用于多种不同图像的全自动配准^[1]。最大互信息法的多模医学图像配准的过程可描述为: 对待配准图像 A , 寻求一组空间变换参数, 并且根据这组参数将 A 通过几何变换成为 A' , 使 A' 与参考图像 B 空间位置完全一致时, 其中, 一幅图像中表达的关于另一幅图像的信息, 即互信息达到最大。所以, 基于互信息的图像配准方法的实现过程是一个多元参数的寻优过程。本文以最大互信息为配准算法基础, 提出用蚁群算法和遗传算法相融合的一种新的搜索最优变换的策略。

1 蚁群算法、遗传算法的基本原理

遗传算法由个体或染色体组成, 包括 3 个遗传算子: 选择, 交叉和变异, 遗传算法进行各种算子操作的目的是寻找生命力最强, 即适应度最大的个体。遗传算法的有效性正是由于交叉和变异这一相互配合而又相互竞争的操作使遗传算法的搜索能力得到飞跃提高, 使算法具有全局收敛性^[2]。

蚂蚁在觅食过程中碰到一个还没有走过的路口时, 就随机地挑选一条路径前行, 同时会释放出与路径长度有关的信息素。蚂蚁走的路径越长, 则释放的信息素数量越小^[3]。当后来的蚂蚁再次碰到这个路口的时候, 选择信息素数量较大

路径概率就会相对较大, 这样形成了一个正反馈机制, 最优路径上的信息素数量越来越大, 而其他路径上的信息素数量却会随着时间的流逝而消减, 最终整个蚁群会找出最优路径。蚁群算法便是基于这种正反馈自催化行为产生的。

蚁群算法是通过信息素的累积和更新收敛于最优路径上, 具有分布式并行全局搜索能力, 但初期信息素匮乏, 求解速度慢; 遗传算法具有快速随机的全局搜索能力, 但对于系统中的反馈信息利用却无能为力, 当求解到一定范围时往往做大量无谓的冗余迭代, 求精确解效率低。基于上述特点, 可充分利用遗传算法的群体并行寻优特征及全局收敛特性, 将遗传算法生成的初始化序列作为初始信息素注入蚁群算法中, 引导蚁群算法的搜索, 达到使蚁群算法快速收敛的目的, 从而获得最佳的全局最优值。

2 遗传算法

本算法采用二进制编码方式将医学图像配准需要进行的几何变换参数 X , Y 轴平移、旋转角、缩放倍数(分别用符号 X , Y , θ , Fd 表示)进行编码; 种群大小为 50; 选取最大互信息做为适应度函数; 选择方式采用比例选择算子; 交叉方式

基金项目: “985 工程” 信息化基础结构关键技术科技创新平台基金资助重点项目

作者简介: 张石(1963 -), 男, 教授、博士, 主研方向: 嵌入式系统, 医学图像处理; 杜恺, 助理工程师、硕士研究生; 张伟, 硕士研究生

收稿日期: 2007-01-16 **E-mail:** dukai_sy@163.com

采用双点交叉；变异算子采用均匀变异。

在遗传算法优化后的种群中寻找最优的 20 组解，作为蚁群算法的初始信息素分布。

3 蚁群算法

3.1 节点和路径的设计与生成

为便于采用蚁群算法，本文设计了一个蚁群算法优化图^[4](图 1)，即由 10 个同心圆组成一个蚁群系统平面，圆的径向由 20 条夹角相等的法线组成，每条法线有等距离的 10 个节点，分别代表 0~9 的 10 个值，每个同心圆都有该圆等距离的 20 个刻度，即 20 个节点，分别表示 X, Y, Fd 的数位。其中，法线 1~5 上的节点代表 X 的第 1~5 个数位，法线 6~10 上的节点代表 Y 的第 1~5 个数位，法线 11~15 代表 Fd 的第 1~5 个数位，法线 16~19 上的节点代表 Fd 的第 1~4 个数位。在该蚁群系统中总共有 20×10 个节点，用符号 $N(i, j)$ 表示 1 个节点， i 表示同心圆上节点的坐标， j 表示法线上节点的坐标，每个节点都表示 1 个数值，它等于该节点的法线坐标值。例如，节点 $N(5, 7)$ 表示 X 的第 5 个数位(即 X 值小数点后第 3 位)的值等于 7。

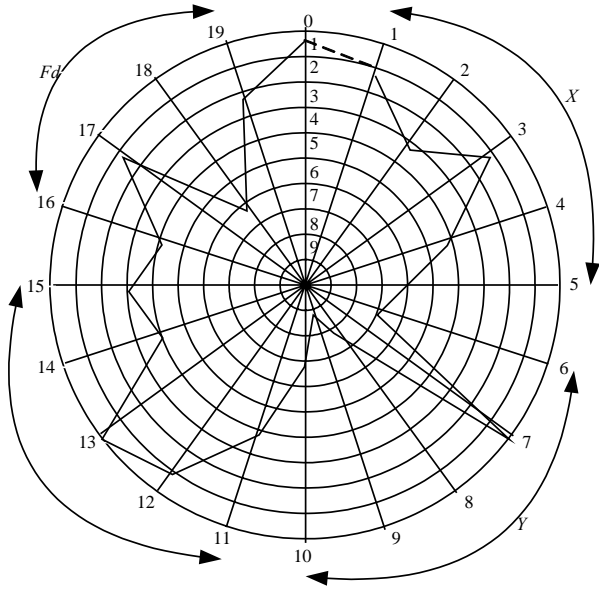


图 1 蚂蚁路径模拟

假设每只蚂蚁从任一节点爬行到下一个任一节点的时间相等，并且与节点间距离无关。于是，若所有蚂蚁都从坐标原点 0 出发，则它们将同时到达下一条法线的每一个节点 $N_{ij}(i=1 \sim 20)$ ，最后同时返回起始法线上各自的终点，完成 1 次循环。

生成的 X, Y, Fd 表示如下：

$$X = N_{1j} \times 10 + N_{2j} \times 1 + N_{3j} \times 0.1 + N_{4j} \times 0.01 + N_{5j} \times 0.001 \quad (1)$$

$$Y = N_{6j} \times 10 + N_{7j} \times 1 + N_{8j} \times 0.1 + N_{9j} \times 0.01 + N_{10j} \times 0.001 \quad (2)$$

$$\phi = N_{11j} \times 10 + N_{12j} \times 1 + N_{13j} \times 0.1 + N_{14j} \times 0.01 + N_{15j} \times 0.001 \quad (3)$$

$$Fd = N_{16j} \times 0.1 + N_{17j} \times 0.01 + N_{18j} \times 0.001 + N_{19j} \times 0.0001 \quad (4)$$

3.2 节点的选择

在蚁群算法中，每只蚂蚁根据各条路径上的信息量及路径的启发信息来计算状态转移概率。 $P_k(i, j, t)$ 表示在 t 时刻蚂蚁 k 由当前节点转移到下一节点的状态转移概率

$$P_k(i, j, t) = \frac{\tau^\alpha(i, j, t) \cdot \eta^\beta(i, j, t)}{\sum \tau^\alpha(i, j, t) \cdot \eta^\beta(i, j, t)} \quad (5)$$

其中， $\tau(i, j, t)$ 表示 t 时刻节点 (i, j) 上的信息素大小； η 为信息启发式因子； η 为期望启发式因子； $\eta(i, j, t)$ 为启发函数，且

$$\eta(i, j, t) = \frac{10 - |j - j^*|}{10} \quad (6)$$

其中， j^* 表示上一次循环中产生的最优路径对应的几何变换参数映射在图 1 上 20 个节点所对应法线上的坐标值。

3.3 信息素的更新方式^[5]

为了避免残留信息素过多，在每只蚂蚁完成对所有法线的遍历(一个循环结束)后，要对所有节点上残留信息进行更新处理。按如下规则进行调整：

$$\tau(i, j, t+20) = (1 - \rho) \cdot \tau(i, j, t) + \Delta\tau(i, j) \quad (7)$$

$$\Delta\tau(i, j) = \sum_{k=1}^m \Delta\tau^k(i, j) \quad (8)$$

$$\Delta\tau^k(i, j) = QF_k \quad (9)$$

其中， Q 表示信息素强度； F_k 表示第 k 只蚂蚁在本次循环中所产生的参数利用互信息法所计算出来的数值； ρ 表示信息素挥发系数； $1 - \rho$ 表示信息素残留因子； $\Delta\tau(i, j)$ 表示本次循环中节点 (i, j) 上的信息素增量； $\Delta\tau^k(i, j)$ 表示第 k 只蚂蚁在本次循环中留在节点 (i, j) 上的信息量。

3.4 蚁群算法与遗传算法动态融合

通过对蚁群算法与遗传算法的研究与实验发现，两种算法在总体收敛态势上呈现出如图所示的速度 - 时间曲线^[3]。由图 2 可知，遗传算法在搜索的初期($t_0 \sim t_a$ 时间段)具有较高向最优解收敛的速度，但 t_a 之后求最优解的效率显著降低。而蚁群算法在搜索的初期($t_0 \sim t_a$ 时间段)由于缺乏信息素，使得搜索速度缓慢，但当信息素积累到一定强度后(t_a 时刻之后)，向最优解收敛的速度迅速提高。因此，蚁群算法与遗传算法动态分布的基本思想是：在最佳点(a 点)之前采用遗传算法生成初始信息素分布，在最佳点之后采用蚁群算法求取最优解。为了防止过早(如 t_d 时刻)或过晚(如 t_e 时刻)结束遗传算法过程，更有效地保证两者在最佳时机(t_a 时刻)进行融合，故该策略不设置固定的遗传算法迭代次数。

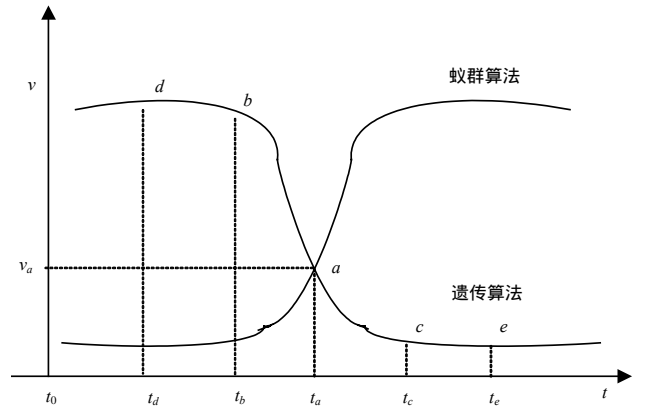


图 2 蚁群算法和遗传算法的速度-时间曲线

具体方法如下：

- (1) 设置最小遗传迭代次数 Ga_{min} 和最大遗传迭代次数 Ga_{max}
- (2) 遗传算法迭代过程中统计子代群体的进化率，并以此设置子代群体的最小进化率 Ga_{ratio}
- (3) 在设定的迭代次数范围内，如果连续 Ga_{die} 代，子代群体的进化率都小于 Ga_{ratio} ，说明这是遗传算法的优化速度较低，因此，这时可终止遗传算法进入蚁群算法。

4 配准的具体步骤

利用基于动态融合的遗传蚁群算法进行多模医学图象配准的流程如图 3 所示。

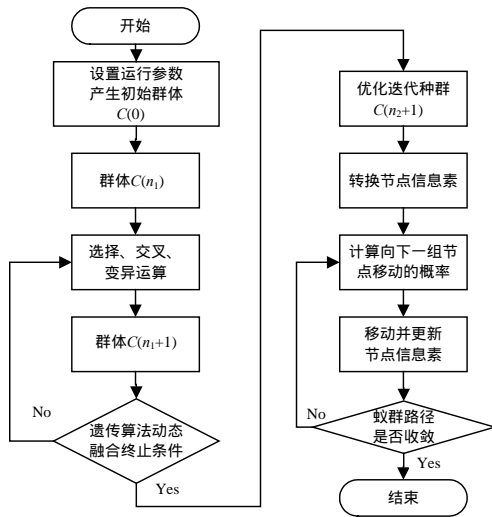


图3 算法流程

配准步骤归纳如下：

(1)采用遗传算法进行初始化参数设置，对待配准的医学图像需要进行的4个几何变换参数 X, Y, ϕ, Fd 中的每个参数依次进行二进制编码，种群大小为50。

(2)算法采用双点交叉，交叉概率为0.80，变异概率为0.05，应用两幅医学图像的互信息值 F_k 作为适应函数进行计算。

(3)应用动态融合条件判断是否终止遗传算法，符合进行步骤(4)，不符合转到步骤(2)。

(4)将遗传算法中适应度最好的20组参数转化成蚁群算法的初始信息素分布。

(5)设定蚂蚁数 M ，并给每只蚂蚁 $k(k=1 \sim M)$ 各定义一个具有19个元素的一维数组 $Path_k$ 。在 $Path_k$ 中依此存放第 k 只蚂蚁要经过的19个节点的纵坐标值，它可用来表示第 k 只蚂蚁的爬行路径。

(6)将全部蚂蚁置于起始点(0, 0)。

(7)利用式(5)、式(6)计算这些蚂蚁向下一个法线上每个节点转移的概率；根据这些概率，采用赌轮选择方法为每只蚂蚁 $k(k=1 \sim M)$ 在法线上选择1个节点，并将蚂蚁 k 移到该节点，同时将该节点的纵坐标值存入 $Path_k$ 的第 i 个元素中。

(8)根据蚂蚁 $k(k=1 \sim M)$ 所走过的路径，即数组 $Path_k$ ，利用式(1)~式(4)计算该路径对应的几何变换参数 X, Y, ϕ, Fd ；并计算对应参数下两幅图像的互信息值 F_k 做为蚂蚁 k 所对应的目标函数值；记录本轮循环中的最优路径，并将其对应的几何变换参数存入 X^*, Y^*, ϕ^*, Fd^* 中。

(9)根据式(7)~式(9)更新每个节点上信息素浓度，并将 $Path_k(k=1 \sim M)$ 中的所有元素清0。

(10)若整个蚁群尚未收敛到同一条路径，则再次将全部蚂蚁置于起始点(0, 0)并转到(7)；若整个蚁群已收敛到走同一条路径，则循环结束，输出最优路径及其对应的最优几何变换参数 X, Y, ϕ, Fd 。并根据最优几何变换参数对两幅医学图像完成配准。

5 仿真结果及分析

5.1 配准结果

为了验证算法的有效性，本文使用MATLAB7.0编写仿真程序，并选择了MRI和CT图像进行多模医学图像配准仿真实验，分别应用本算法和遗传算法进行了仿真结果的比较，来判断基于动态融合蚁群遗传混合算法配准结果的准确性。

图4是选取病人相同部位的MRI图4(1)和CT图4(2)图像进行的配准仿真实验，配准后的结果图像见图4(3)。配准后的空间变换参数见表1，其中 X, Y, ϕ, Fd, F_k 分别表示 X, Y 轴平移(单位为像素)，旋转角(逆时针为正，单位为 $^\circ$)，缩放倍数和互信息值。

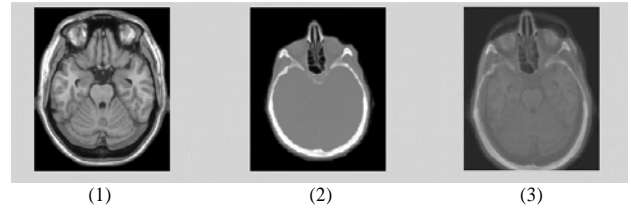


图4 MRI, CT 图像及配准结果

表1 空间变换参数和互信息值

	X	Y	ϕ	Fd	F_k
遗传算法	21.025	15.767	0.913	0.9462	1.4587
混合算法	21.751	15.441	0.901	0.9388	1.4632

图5(1)是大小为 230×230 的参考图像MRI，图5(2)是大小为 512×512 的待配准图像CT，图5(3)是配准后的结果图像。配准后的空间变换参数见表2。

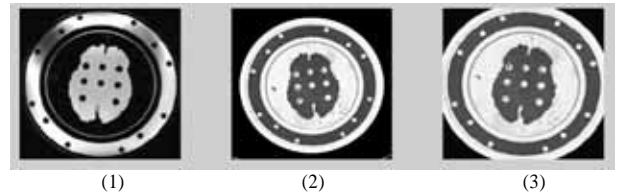


图5 MRI, CT 图像及配准结果

表2 空间变换参数和互信息值

	X	Y	ϕ	Fd	F_k
遗传算法	53.263	49.866	13.139	0.5448	1.3516
混合算法	53.795	49.651	13.550	0.5379	1.3589

通过以上两组MRI和CT图像基于动态融合蚁群遗传混合算法和遗传算法的配准结果分析可以看出，本文设计的算法能有效地完成MRI和CT图像的配准，并且具有较高的配准精度。

5.2 算法的收敛过程

表3反映了通过基于动态融合的蚁群遗传算法优化解数据的过程，从中可以看出算法所优化的解是一个逐步收敛、逐渐逼近最优解的过程。从均值和分布来看，其求得的最优变换参数和最大互信息值的精度在不断的提高，最后完全收敛到一条路径上，从而完成了整个配准过程。

表3 算法优化解数据逼近过程

初始条件	最大互信息值分布				平均值
	最大值	最小值	随机生成分布		
下优化解	0.6306	0.2614	0.5838		
遗传算法后生成	1.2038	1.2095	1.2291	1.2163	1.1972
的优化解	1.1994	1.1910	1.1988	1.2112	1.1961
(最优的20组)	1.2104	1.2256	1.2278	1.2337	1.2323
	1.2065	1.2186	1.2223	1.2341	1.2326
蚁群算法后生成					1.3589
的优化解					

5.3 配准结果比较及讨论

为了对比基于动态融合的蚁群遗传算法同遗传算法和蚁群算法的性能优劣，本文在相同的实验平台和待配准图像的条件下，分别对每种算法进行10次独立重复实验，并计算出所得最优解的平均值，包括：空间变换参数，最大互信息值和迭代次数，由此比较这3种算法的寻优能力，详细结果见表4。通过对实验结果的对比可以看出在求精确解能力方

(下转第235页)