

# 主动形状模型分割方法对光学重建的影响

侯榆青, 胡昊文, 赵凤军\*, 何雪磊, 易黄建, 贺小伟

西北大学信息科学与技术学院, 陕西 西安 710127

**摘要** 在非匀质成像中, 器官形状是影响建模光在生物体内传播过程的重要因素, 它能直接影响荧光分子断层成像(FMT)的重建过程。器官图像的手动分割过程较为复杂, 且对图像质量要求较高, 而边缘检测、区域生长、主动轮廓模型等自动分割方法在处理复杂医学图像时存在很大的局限性。因此, 使用基于主动形状模型(ASM)的自动分割方法, 对小鼠器官图像进行准确分割, 并使用基于  $L_1$  范数优化的重建算法实现光源重建。为分析基于 ASM 的器官图像分割精度与重建精度的关系, 采集小鼠计算机断层扫描(CT)数据并进行真实实验, 与流行的基于 Snake 模型的分割算法进行比较。实验结果表明, ASM 算法可以替代手动分割, 不影响光源的位置重建。

**关键词** 成像系统; 图像分割; 光源重建; 主动形状模型; 荧光分子断层成像; 逆问题

中图分类号 TP319; Q632

文献标识码 A

doi: 10.3788/AOS201838.0211001

## Influence of Active Shape Model Segmentation Method on Optical Reconstruction

Hou Yuqing, Hu Haowen, Zhao Fengjun, He Xuelei, Yi Huangjian, He Xiaowei

School of Information and Technology, Northwest University, Xi'an, Shaanxi 710127, China

**Abstract** The organ shape is an important factor that affects the propagation of modeling light *in vivo*. It can directly affect the reconstruction process of fluorescence molecular tomography (FMT). Manual segmentation of organs is complex and requires high-quality images, while automatic segmentation methods such as edge detection, region growing and active contour models have great limitations in dealing with complex medical images. We propose an automatic segmentation method based on active shape models (ASM) to accurately segment the images of mouse organs. Moreover, the light source reconstruction is realized based on  $L_1$  norm optimization. We carry out an experiment with the computed tomography (CT) data of a real mouse to explore the relation between organ image segmentation accuracy based on ASM and reconstruction accuracy. The experimental results show that the ASM method can replace manual segmentation without affecting the position reconstruction of light source, when compared with the popular Snake model-based segmentation algorithm.

**Key words** imaging systems; image segmentation; source reconstruction; active shape model; fluorescence molecular tomography; inverse problem

**OCIS codes** 110.3010; 100.2960; 100.3190; 170.3010

## 1 引 言

荧光分子断层成像(FMT)使用近红外光(NIR)照射生物组织内的荧光分子探针,使其受激发而发光,然后根据采集到的光学信号,利用数学物理方法重建荧光的分布<sup>[1]</sup>。FMT 成像具有无放射性、成像

时间短、实验复杂度低、灵敏度高、成本低廉等诸多优点,对病灶检测与疾病诊断具有极大的现实意义<sup>[2]</sup>。特别地,非匀质 FMT 成像基于各组织器官光学参数不同的特点,准确地构建了真实成像中的复杂光传输模型,现已成为分子影像领域的研究热点<sup>[3-6]</sup>。非匀质 FMT 成像可以反映动物体内不同

收稿日期: 2017-09-20; 收到修改稿日期: 2017-10-19

基金项目: 国家自然科学基金(61640418, 61601363, 61372046, 11571012)、陕西省教育厅服务地方专项(17JF027)、陕西省自然科学基金基础研究计划(2017JQ6017, 2015JM6322, 2015JZ019)、中国博士后面上基金(2016M602851)

作者简介: 侯榆青(1963—),女,博士,教授,主要从事信号处理、医学图像处理 and 数字信号处理器应用技术等方面的研究。E-mail: houyuqin@nwu.edu.cn

\* 通信联系人。E-mail: fjzhao@nwu.edu.cn

器官形状对成像效果的影响,因此其重建过程除了采用适合的数学物理模型和重建方法之外,还需要对物体内的器官图像进行准确分割。也就是说,提高器官图像的分割精度是实现非匀质 FMT 精准成像的必要前提。

通常,采用专家手动分割或自动分割算法来完成对生物体内各个器官图像的分割与提取。专家手动分割的准确度高,但是效率低,对图像质量要求高,受人为因素影响大。传统的自动分割方法有阈值分割<sup>[7-9]</sup>、边缘检测<sup>[10-12]</sup>、区域生长<sup>[13-15]</sup>等。但 these 方法都存在明显的缺陷:阈值分割易受到分割区域灰度对比度的限制;边缘检测在边缘模糊或噪声较大时易出现边界不连续;区域生长易受噪声或灰度不均影响而出现空洞或过分割。经过多年的发展,基于主动轮廓模型(如 Snake 模型)<sup>[16]</sup>与基于主动形状模型(ASM)<sup>[17]</sup>的分割方法广泛应用于各类医学图像、生物体数据的处理与分析。这些方法融入了大量的先验知识,训练包含大量统计信息的统计模型,有效解决了生物个体特异性引起的误差与图像质量造成的伪影、模糊问题。其中,基于 ASM 的分割方法很好地平衡了结果的准确性与计算的高效性,因而受到广泛青睐。

本文提出一种基于 ASM 的自动分割算法,根据小鼠器官训练数据集的统计信息建立形状模型,利用局部灰度信息指导统计模型的迭代变形,从而分割得到较为精确的小鼠器官形状。此外,本文还评估了使用不同训练样本集的 ASM 分割方法对 FMT 重建精度的影响。

## 2 基本原理

### 2.1 形状模型

获取目标物体的先验信息是建立形状模型的首要步骤。根据器官的形状、变化,对小鼠器官图像进行手动分割,获取器官轮廓三维点云数据,每个点均用三维坐标表示,则  $n$  个点组成的形状  $\mathbf{X}$  表示为

$$\mathbf{X} = \{x_1, y_1, z_1; x_2, y_2, z_2; \dots; x_n, y_n, z_n\}, \quad (1)$$

若有  $L$  组生物体数据,则可由以上方法得到训练样本集  $\mathbf{S}$ , 表示为

$$\mathbf{S} = \{\mathbf{X}_1, \mathbf{X}_2, \dots, \mathbf{X}_L\}. \quad (2)$$

由于生物不同个体间存在差异,加之器官蠕动导致形状变化,不同样本器官的形状、大小、位置存在差别。因而在建模之前,需要对训练样本集进行配准,即在不改变原有形状的前提下,通过仿射变换使训练样本的形状尽可能接近。本文使用 ICP 配

准方法<sup>[18-20]</sup>,用公式表示为

$$\mathbf{S}' = H(\mathbf{S}, \mathbf{X}_l), \quad \mathbf{X}_l \in \mathbf{S}, \quad (3)$$

式中  $\mathbf{X}_l (1 \leq l \leq L)$  为在样本集  $\mathbf{S}$  中选定的配准模板,  $\mathbf{S}' = \{\mathbf{X}'_1, \mathbf{X}'_2, \dots, \mathbf{X}'_1, \mathbf{X}'_{l+1}, \dots, \mathbf{X}'_L\}$  为配准后的训练样本集,  $H$  代表坐标空间变换。

在对某一样本  $\mathbf{X}_i (i \neq l)$  完成空间变换后,计算  $\mathbf{X}'_i$  与模板  $\mathbf{X}_l$  的误差:

$$E = |\mathbf{X}'_i - \mathbf{X}_l|^2, \quad (4)$$

若  $E$  小于设定的某一阈值,则配准结束,否则重复配准过程。

配准完成后,使用主成分分析(PCA)法获取形状模型。训练样本集的平均形状为

$$\bar{\mathbf{X}} = \frac{1}{L} \sum_{j=1}^L \mathbf{X}_j, \quad (5)$$

式中  $L$  为样本个数。样本集协方差矩阵为

$$\mathbf{V}_{\text{var}} = \frac{1}{L-1} \sum_{j=1}^L (\mathbf{X}_j - \bar{\mathbf{X}})(\mathbf{X}_j - \bar{\mathbf{X}})^T. \quad (6)$$

对  $\mathbf{V}_{\text{var}}$  进行奇异值分解,求得  $n$  个特征值  $\lambda_j$  和对应的特征向量  $\mathbf{p}_j$ 。将特征值按大小排序后,选取较大的前  $m$  个特征值,满足

$$\frac{\sum_{j=1}^m \lambda_j}{\sum_{j=1}^n \lambda_j} \geq 95\%, \quad (7)$$

则形状模型可以表示为

$$\mathbf{X} = \bar{\mathbf{X}} + \mathbf{P}_m \mathbf{B}_m, \quad (8)$$

式中  $\mathbf{P}_m$  为  $m$  个特征向量组成的矩阵,  $\mathbf{B}_m$  代表形状参数矩阵。

### 2.2 ASM 搜索分割

对待测图像使用基于灰度的搜索策略<sup>[21]</sup>,迭代、更新模型的形状参数与姿态参数(缩放参数  $s$ 、旋转参数  $\theta$ 、平移参数  $t$ )直至收敛(形变前后模型差值小于一定阈值),即可实现对形状模型的变形。这一过程称为基于主动形状模型的搜索分割。

形状模型的形变公式为

$$\mathbf{X} = \mathbf{M}(s, \theta) \mathbf{Y} + t, \quad (9)$$

其中

$$\mathbf{Y} = \mathbf{X} + \mathbf{PB}, \quad (10)$$

使用灰度搜索方法后,模型的标记点位移了  $\Delta \mathbf{X}$ ,新模型为  $\mathbf{X} + \Delta \mathbf{X}$ ,用相似性变换计算姿态参数的变化,改变形状表示为

$$\mathbf{X} + \Delta \mathbf{X} = \mathbf{M}[s(1 + \Delta s), \theta + \Delta \theta](\mathbf{Y} + \Delta \mathbf{Y}) + t + \Delta t, \quad (11)$$

式中  $\Delta \mathbf{Y}$  的求解,是将(9)式代入(11)式:

$$\begin{aligned} \mathbf{M}[s(1 + \Delta s), \theta + \Delta \theta](\mathbf{Y} + \Delta \mathbf{Y}) = \\ \mathbf{M}(s, \theta)\mathbf{Y} + \Delta \mathbf{Y} - \Delta \mathbf{t}, \end{aligned} \quad (12)$$

解得

$$\begin{aligned} \Delta \mathbf{Y} = \mathbf{M}[s(1 + \Delta s)^{-1} - \theta - \Delta \theta] \times \\ [\mathbf{M}(s, \theta)\mathbf{Y} + \Delta \mathbf{X} - \Delta \mathbf{t}] - \mathbf{Y}, \end{aligned} \quad (13)$$

修改形状参数

$$\Delta \mathbf{B} = \mathbf{P}^T \Delta \mathbf{Y}, \quad (14)$$

获得的新形状表示为

$$\mathbf{Y}' = \mathbf{M}[s(1 + \Delta s), \theta + \Delta \theta](\mathbf{Y} + \mathbf{P} \Delta \mathbf{B}) + \mathbf{t} + \Delta \mathbf{t}, \quad (15)$$

重复迭代过程直至收敛,新的模型形状即为分割结果。

### 2.3 重建

在 FMT 成像中,结合 Robin 边界条件的激发光和发射光的传输过程可以描述为<sup>[1]</sup>

$$\begin{aligned} \nabla \cdot [D_x(\mathbf{r}) \nabla \Phi_x(\mathbf{r})] - \mu_{ax}(\mathbf{r}) \Phi_x(\mathbf{r}) = \\ - \Theta \delta(\mathbf{r} - \mathbf{r}_s), \end{aligned} \quad (16)$$

$$\begin{aligned} \nabla \cdot [D_m(\mathbf{r}) \nabla \Phi_m(\mathbf{r})] - \mu_{am}(\mathbf{r}) \Phi_m(\mathbf{r}) = \\ - \Phi_x(\mathbf{r}) \eta \mu_{af}(\mathbf{r}), \end{aligned} \quad (17)$$

式中下标  $x, m$  分别表示激发光和发射光;  $D(\mathbf{r})$  是扩散系数;  $\Phi(\mathbf{r})$  是光子流率,表示单位时间内单位面积上的能量流;  $\mu_a$  是吸收系数;  $\eta$  是量子产额;  $\mu_{af}(\mathbf{r})$  是荧光团对激发光的吸收系数;  $\eta \mu_{af}(\mathbf{r})$  即所要求的荧光产额分布;  $\delta(\mathbf{r})$  是狄拉克函数;  $\Theta$  是光源强度;  $\mathbf{r}_s$  为光源的位置。在逆问题求解中,仅能采集到生物组织表面的发射光强度,使用有限元方法<sup>[19]</sup>,可得到发射光表面分布向量:

$$\Phi_m^{\text{surf}} = \mathbf{K}_m^{-1} \mathbf{F} \mathbf{X} = \mathbf{A}^{\text{surf}} \mathbf{X}, \quad (18)$$

式中  $\mathbf{K}_m^{-1}$  是系统矩阵的逆矩阵,  $\mathbf{F}$  是荧光光源分布矩阵,  $\mathbf{X}$  是待重建的荧光光源分布向量。使用基于不完全变量截断共轭梯度的  $L_1$  范数正则化方法进行重建,求解最优化问题的目标函数表示为<sup>[20]</sup>

$$\min \{ \|\mathbf{A}^{\text{surf}} \mathbf{X} - \Phi_m^{\text{surf}}\|_2^2 + \lambda_1 \|\mathbf{X}\|_1 \}, \quad (19)$$

式中  $\lambda_1$  为正则化参数,  $\|\mathbf{X}\|_1$  为稀疏正则化项。

## 3 实验结果与分析

为评估基于 ASM 的分割方法对 FMT 荧光团重建的影响,分别用 5、10、15、20 组训练样本建立形状模型,获得 4 组 ASM 方法分割结果,并与手动分割结果及流行的 Snake 方法分割结果进行对比。再基于数字鼠模型设计单光源实验,分别对 6 组分割结果剖分得到的网格进行重建,比较重建误差。

本文使用的实验数据为 21 组小鼠计算机断层扫描(CT)裸数据,其中:20 组无荧光团,用来训练主动形状模型和主动轮廓模型(训练组),待分割

CT 图像的分辨率为  $512 \times 512 \times 512$ ; 1 组有荧光团,用来进行分割与重建实验(分割重建组),待分割 CT 图像的分辨率为  $256 \times 256 \times 256$ 。实验选择的小鼠为 6 周龄 Balb/c 裸鼠,体重 20~25 g。小鼠肾脏长 9.4 mm,宽 5.3 mm,呈腰果状[图 1(f)]。选取重建组的躯干部分作为重建区域,包括心、肺、肝、肾、胃等主要器官,实验中小鼠模型的光学参数如表 1 所示<sup>[22-24]</sup>,其中  $\mu_s$  为约化散射系数。荧光团为一个直径 1.6 mm、高 1.6 mm 的圆柱,位于左肾下方,中心坐标为(21.1 mm, 27.8 mm, 7.4 mm),所以选择左肾作为自动分割对象。实验中,分割结果的准确度主要用 Dice 系数和 Hausdorff 距离来评估,重建结果的准确度主要用重建光源中心到实际光源的欧氏距离  $d_t$  来评估。

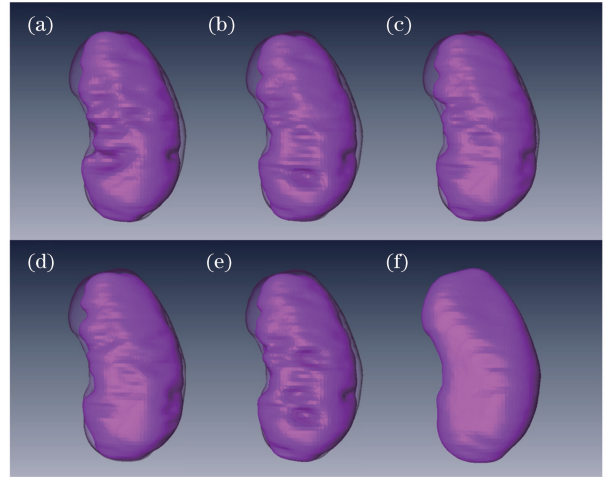


图 1 不同方法的左肾图像分割结果对比。(a) ASM1 方法; (b) ASM2 方法; (c) ASM3 方法; (d) ASM4 方法; (e) Snake 方法; (f) 手动分割

Fig. 1 Left kidney image segmentation results obtained by different methods. (a) ASM1 method; (b) ASM2 method; (c) ASM3 method; (d) ASM4 method; (e) Snake method; (f) manual segmentation

表 1 数字鼠模型的光学参数  
Table 1 Optical parameters of digital mouse model

Organ	$\mu_{ax}$	$\mu_{sx}$	$\mu_{am}$	$\mu_{sm}$
Muscle	0.0052	1.08	0.0068	1.03
Heart	0.0083	1.01	0.0104	0.99
Lung	0.0133	1.97	0.0203	1.95
Liver	0.0329	0.70	0.0176	0.65
Kidney	0.0660	2.25	0.0380	2.02
Stomach	0.0114	1.74	0.0070	1.36

### 3.1 分割实验

因为在 ASM 指导的分割中,建立形状模型所

使用的训练集个数对分割精度有很大的影响,所以分别用 5、10、15、20 个训练样本建立形状模型,并指导对分割重建组左肾器官的图像分割,结果分别记为 ASM1、ASM2、ASM3、ASM4。此外,还将 ASM 分割方法与当前流行的基于 Snake 的分割方法进行对比,并评价其对 FMT 重建精度的影响,其中,Snake 模型使用的训练样本个数为 20 组,分割结果如图 1 所示(外轮廓为手动分割得到的金标准)。手动分割过程由专家完成,多个专家使用 Amira 软件在 CT 图像上对小鼠肾脏手动提取边缘,取其平均形状作为金标准[图 1(f)]。随着训练样本集个数的增加,ASM 分割方法得到的器官凹陷程度减轻[图 1(a)~(d)]。当训练样本个数达到 20 时,ASM 取得最好的分割效果,优于使用同样样本个数的 Snake 方法[图 1(d)、(e)]。可见,当训练样本达到一定个数时,ASM 方法能够对分割目标进行较为准确的分割,与流行方法相比也具有一定的优势。

为了定量地体现分割结果,表 2 分别给出了 5 组自动分割结果的 Dice 系数及 Hausdorff 距离。Dice 系数表示自动分割结果与手动分割金标准的重叠率,Hausdorff 距离表示自动分割结果与手动分割金标准相差最大处的距离。随着训练样本个数由 5 组增加到 20 组,ASM 方法分割结果的 Dice 系数由 0.80 提升到 0.90,Hausdorff 距离由 0.98 mm 降

低到 0.30 mm。可见,ASM 方法分割精度随着训练样本个数的增加逐渐提升。而当训练样本个数同样为 20 组时,ASM 方法的 Dice 系数(0.90)高于 Snake 方法(0.84),Hausdorff 距离(0.30 mm)低于 Snake 方法(0.78 mm)。所以,ASM 方法能取得比 Snake 方法更准确的分割结果。

表 2 基于主动形状模型与基于 Snake 模型的分割精度

Table 2 Accuracy of segmentation based on active shape models and Snake model

Method	Dice coefficient	Hausdorff distance / mm
ASM1	0.80	0.98
ASM2	0.86	0.52
ASM3	0.89	0.41
ASM4	0.90	0.30
Snake	0.84	0.78

### 3.2 重建实验

在 3.1 节中得到了 5 组自动分割结果,分别为 4 组基于 ASM 的结果与 1 组基于 Snake 的结果。自动分割完成后,重新剖分得到小鼠躯干部分,得到 5 组新的重建网格。原小鼠体网格(手动分割、剖分得到)由 3823 个节点和 18504 个四面体单元组成,重新剖分时保持新网格的节点数和四面体单元个数与原网格一致。对这 5 组新的网格与原网格分别进行单光源 FMT 重建实验,重建结果如图 2 所示(图中  $z=7.4$  mm,红色圆点代表真实光源)。为了定量

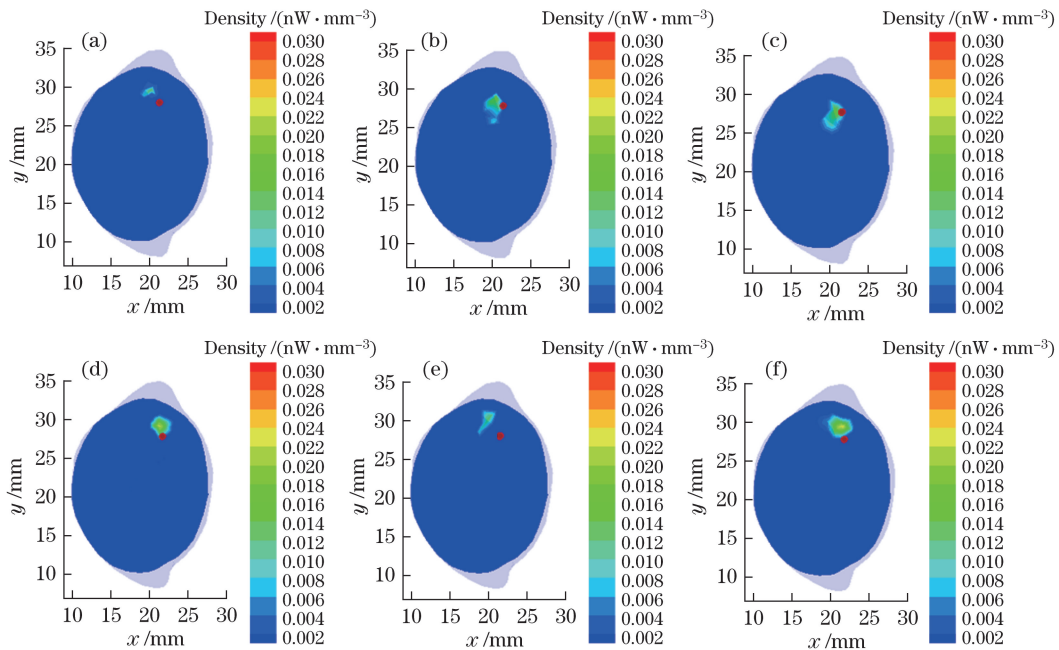


图 2 不同方法得到的新网格与原网格的重建结果。(a) ASM1 方法;(b) ASM2 方法;(c) ASM3 方法;(d) ASM4 方法;(e) Snake 方法;(f)原网格

Fig. 2 Reconstruction results of the new grids obtained by different methods and the original grid. (a) ASM1 method; (b) ASM2 method; (c) ASM3 method; (d) ASM4 method; (e) Snake method; (f) original grid



比较重建结果,表3给出了6组重建结果的 $d_f$ 。由表3可知,当ASM方法分割精度提高时(ASM1~ASM4), $d_f$ 由3.85 mm降低到1.75 mm。当ASM方法取得最好结果时(ASM4), $d_f$ 低于Snake方法的2.92 mm。由此可知,分割结果准确度越高,重建结果也越准确。

表3 重建结果

Table 3 Reconstruction results

Method	$d_f$ /mm	Reconstructed density /( $nW \cdot mm^{-3}$ )	Number of nodes	Number of tetrahedrons
ASM1	3.85	$2.86 \times 10^{-2}$	3878	18852
ASM2	2.33	$3.19 \times 10^{-2}$	3926	19099
ASM3	1.96	$3.18 \times 10^{-2}$	3851	18636
ASM4	1.75	$3.03 \times 10^{-2}$	3917	19011
Snake	2.92	$2.97 \times 10^{-2}$	3872	18767
Original	1.70	$3.13 \times 10^{-2}$	3823	18504

## 4 结 论

荧光分子断层成像中的光源重建问题是该成像模态的研究重点,而重建前生物体数据的预处理过程却很少受到关注。使用基于主动形状模型的自动分割算法对器官图像进行精确分割,可以在提高效率的同时获得准确的重建结果。真实实验表明,与手动分割相比,ASM方法不需专家当场手动标记,可以用事先训练好的形状模型指导自动分割,不仅提高了效率(手动分割既繁琐又需大量时间),而且能保证重建结果的准确性。与流行的Snake方法相比,用相同训练集得到的模型所指导的分割结果更准确,重建误差更小。使用ASM方法对重建前体数据中的所有器官图像进行自动分割并对其影响进行评估将是下一步的研究内容。

## 参 考 文 献

- [1] Ntziachristos V, Tung C, Bremer C, *et al.* Fluorescence molecular tomography resolves protease activity *in vivo* [J]. *Nature Medicine*, 2002, 8(7): 757-760.
- [2] Milstein A B, Oh S, Webb K J, *et al.* Fluorescence optical diffusion tomography [J]. *Applied Optics*, 2003, 42(16): 3081-3094.
- [3] Schulz R B, Ripoll J, Ntziachristos V. Experimental fluorescence tomography of tissues with noncontact measurements [J]. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2004, 23(4): 492-500.
- [4] Hou Y Q, Jin M Y, He X W, *et al.* Fluorescence

molecular tomography using a stochastic variant of alternating direction method of multipliers [J]. *Acta Optica Sinica*, 2017, 37(7): 0717001.

侯榆青, 金明阳, 贺小伟, 等. 基于随机变量交替方向乘法子的荧光分子断层成像 [J]. *光学学报*, 2017, 37(7): 0717001.

- [5] Dong F, Hou Y Q, Yu J J, *et al.* Fluorescence molecular tomography via greedy method combined with region-shrinking strategy [J]. *Laser & Optoelectronics Progress*, 2016, 53(1): 011701.
- 董芳, 侯榆青, 余景景, 等. 结合区域收缩和贪婪策略的荧光分子断层成像 [J]. *激光与光电子学进展*, 2016, 53(1): 011701.
- [6] Zhang X, Yi H J, Hou Y Q, *et al.* Fast reconstruction in fluorescence molecular tomography based on locality preserving projections [J]. *Acta Optica Sinica*, 2016, 36(7): 0717001.
- 张旭, 易黄建, 侯榆青, 等. 基于局部保留投影的荧光分子断层成像快速重建 [J]. *光学学报*, 2016, 36(7): 0717001.
- [7] Li Y, Cho S Y. A method for cell image segmentation using both local and global threshold techniques [C]. *Eighth International Symposium on Multispectral Image Processing and Pattern Recognition*, 2013: 183-188.
- [8] Zhu D H, Lin S M, Yang Y B. Threshold-based segmentation for 3D medical volumetric images [J]. *Computer Science*, 2013, 40(1): 269-272.
- 朱代辉, 林时苗, 杨育彬. 医学三维影像体数据阈值分割方法 [J]. *计算机科学*, 2013, 40(1): 269-272.
- [9] Mala C, Sridevi M. Multilevel threshold selection for image segmentation using soft computing techniques [J]. *Soft Computing*, 2015, 20(5): 1793-1810.
- [10] Shrivakshan G T, Chandrasekar C. A comparison of various edge detection techniques used in image processing [J]. *International Journal of Computer Science Issues*, 2012, 9(5): 272-276.
- [11] Meenakshisundari P, Kumar S B R. Comparison of various edge detection techniques in tree ring structure [J]. *International Journal of Computer Applications*, 2014, 90(19): 26-28.
- [12] Zhu Z W, Liu G R, Liu Q H. Study of first-order edge detection algorithm [J]. *Modern Electronics Technique*, 2009, 32(24): 88-90.
- 朱振伟, 刘广瑞, 刘巧红. 一阶边缘检测算法的研究 [J]. *现代电子技术*, 2009, 32(24): 88-90.
- [13] Liu Y, Jiang T, Zang Y. Region growing method for the analysis of functional MRI data [J]. *Neuroimage*, 2003, 20(1): 455-465.
- [14] Modi C K, Desai N P. A simple and novel algorithm for automatic selection of ROI for dental radiograph segmentation [C]. *2011 24th Canadian Conference on*

- Electrical and Computer Engineering, 2011: 000504-000507.
- [15] Verma O P, Hanmandlu M, Susan S, *et al.* A simple single seeded region growing algorithm for color image segmentation using adaptive thresholding[C]. IEEE 2011 International Conference on Communication Systems and Network Technologies, 2011: 500-503.
- [16] Zhu S, Gao R. A novel generalized gradient vector flow snake model using minimal surface and component-normalized method for medical image segmentation[J]. Biomedical Signal Processing and Control, 2016, 26: 1-10.
- [17] Sun S, Ren H, Meng F. Abnormal lung regions segmentation method based on improved ASM[C]. IEEE Control and Decision Conference, 2016: 5535-5539.
- [18] Sharp G C, Sang W L, Wehe D K. ICP registration using invariant features[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2002, 24(1): 90-102.
- [19] Yang J, Li H, Campbell D, *et al.* Go-ICP: a globally optimal solution to 3D ICP point-set registration[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2016, 38(11): 2241-2254.
- [20] Zhang L, Choi S I, Park S Y. Robust ICP registration using biunique correspondence[C]. International Conference on 3D Imaging, Modeling, Processing, Visualization and Transmission, 2011: 80-85.
- [21] Lee S W, Lee D J, Park H S. A new methodology for gray-scale character segmentation and recognition[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 1996, 18(10): 1045-1050.
- [22] Cong A X, Wang G. A finite-element-based reconstruction method for 3D fluorescence tomography[J]. Optics Express, 2005, 13(24): 9847-9857.
- [23] Cong W, Kumar D, Liu Y, *et al.* A practical method to determine the light source distribution in bioluminescent imaging[C]. SPIE, 2004, 5535: 679-686.
- [24] Alexandrakis G, Rannou F R, Chatzioannou A F. Tomographic bioluminescence imaging by use of a combined optical-PET (OPET) system: a computer simulation feasibility study[J]. Physics in Medicine and Biology, 2005, 50(17): 4225-4241.