

浙江大学



本科实验报告

姓名：

学院： 生物医学工程与仪器科学学院

系： 生物医学工程

专业： 生物医学工程

学号：

指导教师： 吴丹

2025 年 5 月 10 日

浙江大学实验报告

课程名称： 生物医学图像处理 实验类型：

实验项目名称： 基于互信息与 SPM 的医学图像配准

同组学生姓名：

指导老师： 吴丹

实验地点： 教 6 - 204 实验日期： 2025 年 5 月 10 日

一、实验目的和要求

- 1、掌握互信息 (Mutual Information, MI) 的计算原理，通过提取 MRI 模态 (T1w 与 T2w) 的冠状切片，创建联合直方图并计算跨模态及同模态的互信息值，对比分析模态差异对配准相似性的影响。
- 2、熟练使用 SPM12 工具包进行图像配准，包括核心配准 (Coregistration)、分割 (Segmentation) 和归一化 (Normalisation) 操作，理解参考图像与源图像的角色定义及目标函数 (互信息) 的配置原理。
- 3、验证跨模态与同模态配准效果，通过对比配准前后的联合直方图分布、变形场参数及模板空间对齐结果，分析不同配准路径 (如 T2w→T1w→模板) 的优劣。
- 4、可选任务：实现仿射变换配准算法，使用最速下降法估计变换参数，通过相似性指标 (CC) 验证算法准确性，加深对配准优化过程的理解。

二、实验内容和原理

(一) 互信息计算

1. 核心原理

互信息是衡量两图像空间相关性的指标，通过联合直方图计算像素灰度的共现概率分布。联合直方图是将两图像同位置像素灰度值映射为二维直方图，横轴为 T1w 灰度，纵轴为 T2w 灰度，反映灰度对的频率分布。互信息公式：

$$MI(X, Y) = \sum_{i=1}^{N_x} \sum_{j=1}^{N_y} p_{XY}(i, j) \log_2 \frac{p_{XY}(i, j)}{p_X(i)p_Y(j)}$$

其中 $p_{xy}(i, j)$ 为联合概率， $p_x(i)$ 和 $p_y(j)$ 为边缘概率。互信息值越高，两图像相关性越强。

2. 关键步骤切片提取：从 3D 体积数据中选取相同解剖层面的冠状切片（如第 50 层），确保两模态切片位置对应。

对于背景处理，首先通过掩码排除灰度值为 0 的背景像素，避免直方图被无效区域主导；随后根据图像实际灰度范围（非 0-255）设置直方图 bins 进行直方图归一化，提升计算精度。

（二）SPM 配准

1. 核心配准 (Coregister: Estimate & Reslice)

参考图像 (Reference Image)：配准中保持不动（如 T1w.nii），作为空间对齐的基准。

源图像 (Source Image)：通过仿射变换调整以匹配参考图像（如 T2w.nii），变换参数由目标函数优化确定。

目标函数：归一化互信息 (Normalised Mutual Information, NMI)，通过直方图平滑（参数 [7,7]）减少噪声影响。

插值方法：5 次 B 样条插值 (B-Spline)，提升重采样图像的空间连续性。

2. 分割与模板配准 (Segmentation)

模板选择：使用 ICBM 标准空间模板（如东亚脑模板），通过配准将个体图像映射到群体平均空间。

变形场生成：对 T1w 图像进行分割，生成 3 通道变形场文件（如 y_T1w.nii），记录每个体素在 x、y、z 方向的空间变换。

3. 归一化 (Normalisation)

将 T1w 到模板的变形场应用于 T2w 图像，通过重采样使 T2w 与模板空间对齐，输出文件名前缀 “w”（如 wT2w.nii），体素大小设为 [0.8, 0.8, 0.8] mm³。

（三）仿射变换配准

1. 变换模型仿射变换包含平移、旋转、缩放，数学表达式为：

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ z' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_{11} & a_{12} & a_{13} \\ a_{21} & a_{22} & a_{23} \\ a_{31} & a_{32} & a_{33} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \end{bmatrix}$$

通过优化相似性指标（如相关系数 CC）估计变换矩阵参数。

2. 优化算法使用**最速下降法**（Steepest Descent Method），迭代更新变换参数，沿负梯度方向最小化目标函数（如**最大化 CC 值**），直至参数收敛。

三、主要仪器设备

硬件：Windows 计算机

软件：

MATLAB R2023b（含 NIfTI 工具包）

SPM12（Statistical Parametric Mapping，版本 7771）

数据：T1w.nii 与 T2w.nii（3D MRI 体积数据）

四、操作方法和实验步骤

（一）互信息计算

1、数据预处理与切片提取

使用 `niftiread` 函数读取 3D NIfTI 格式图像，得到 T1w 和 T2w 的 3D 矩阵（维度为 $x \times y \times z$ ）。计算 3D 数据的 z 轴尺寸，选择中心切片（ $z_center = \text{round}(z/2)$ ），通过 `squeeze` 函数提取冠状面切片，得到 2D 切片矩阵（尺寸为 300×320 ），确保两模态切片位置一致。

2、归一化

分别计算 T1w 和 T2w 切片的灰度最大值，将切片数据归一化到 $[0,1]$ 范围，避免灰度范围差异对后续计算的影响。

3、联合直方图创建

使用 `histogram2` 函数分别绘制 T1w 与自身、T1w 与 T2w 的联合直方图，设置 bin 数量为 50，以 `tile` 形式显示，直观反映像素灰度对的频率分布。

T1w 自身的联合直方图集中在对角线附近，表明同模态像素灰度高度相关；

跨模态直方图分布较分散，体现 T1w 与 T2w 的灰度差异。

4、互信息计算

自定义 `mutual_information` 函数基于信息论公式计算互信息，通过联合直方图计算联合概率分布 `pxy` 和边缘概率分布 `px`、`py`。分别输出同模态（T1w 自身）和跨模态（T1w 与 T2w）的互信息值、联合直方图非零元素数量及最大值，定量分析模态间相关性。

（二）SPM 配准

1、准备工作

（1）备份数据

在开始前，复制一份 T2w.nii 文件，因为在配准过程中原文件会被覆盖

（2）启动 MATLAB 和 SPM

打开 MATLAB，输入 `spm` 命令启动 SPM12，在 SPM 界面中选择 "fMRI" 模式

2、Coregistration

（1）配准步骤

在 SPM 主界面点击 "Coregister (Estimate & Reslice)"

设置参数：

Reference Image（参考图像）：选择 T1w.nii

Source Image（源图像）：选择 T2w.nii（这个将被重写）

保持其他参数为默认值

点击 "Run" 开始配准

（2）结果检查

配准完成后，原始的 T2w.nii 被覆盖为配准后的结果

这一步将 T2w 配准到了 T1w 的空间

3、分割 (Segmentation)

（1）分割步骤

在 SPM 主界面点击 "Segment"

设置参数：

Volumes: 选择 T1w.nii

展开 "Tissue probability maps" 确认使用默认模板

在 "Deformation Fields" 选项中选择 "Forward" (将产生 y_T1.nii 文件)

点击 "Run" 开始分割

(2) 分割结果

分割会产生多个文件：

c1, c2, c3 等：不同组织类型的概率图

y_T1.nii：从原始空间到模板空间的变形场(重要！)

4、标准化 (Normalisation)

(1) 标准化步骤

在 SPM 主界面点击 "Normalise (Write)"

设置参数：

Deformation Field: 选择 y_T1.nii

Images to Write: 选择已配准的 T2w.nii

点击 "Run" 开始标准化

(2) 标准化结果

生成 w 开头的文件(如 wT2w.nii)，表示被扭曲到模板空间的 T2w

5、结果检查

(1) 使用 SPM 的 Check Reg 功能

在 SPM 主界面点击 "Display" → "Check Reg"

依次加载以下文件进行比较：

wT2w.nii (T2w 先扭曲到 T1w 再扭曲到模板)

wT1w.nii (T1w 扭曲到模板)

T2w.nii (配准到 T1w 的 T2w)

Template 图像 (可在 SPM12 安装目录下的 templates 文件夹中找到)

T1w.nii (原始 T1w)

(2) 比较观察

注意观察这些图像之间的对齐程度，特别关注解剖结构是否对齐。

(三) 仿射变换配准

- 1、加载原始 T1w 医学图像并选择合适切片
- 2、应用预设仿射变换参数（旋转角度、平移、缩放）
- 3、使用改进的最速下降法估计变换参数
- 4、基于估计参数重建图像并验证估计准确性

预设仿射变换参数：

旋转角度：17°

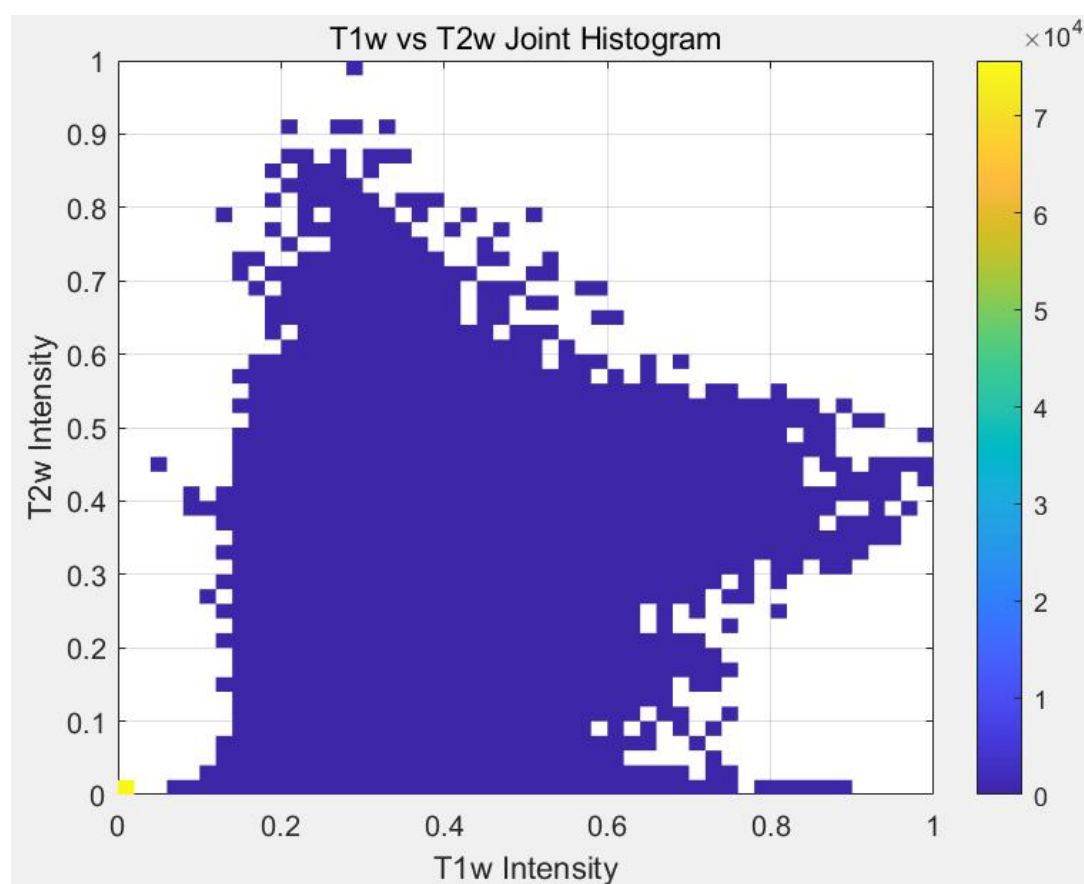
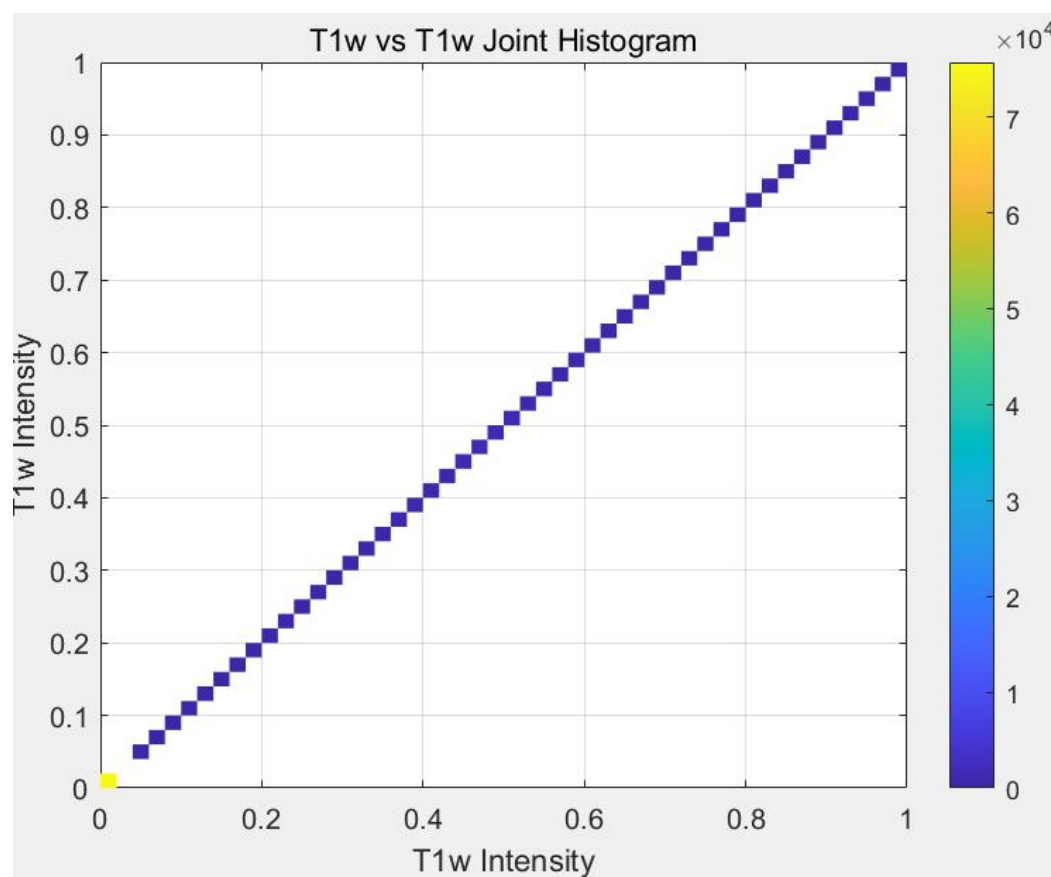
X 方向平移：20 像素

Y 方向平移：2 像素

缩放因子：1.1

五、实验数据记录和处理

(一) 互信息计算



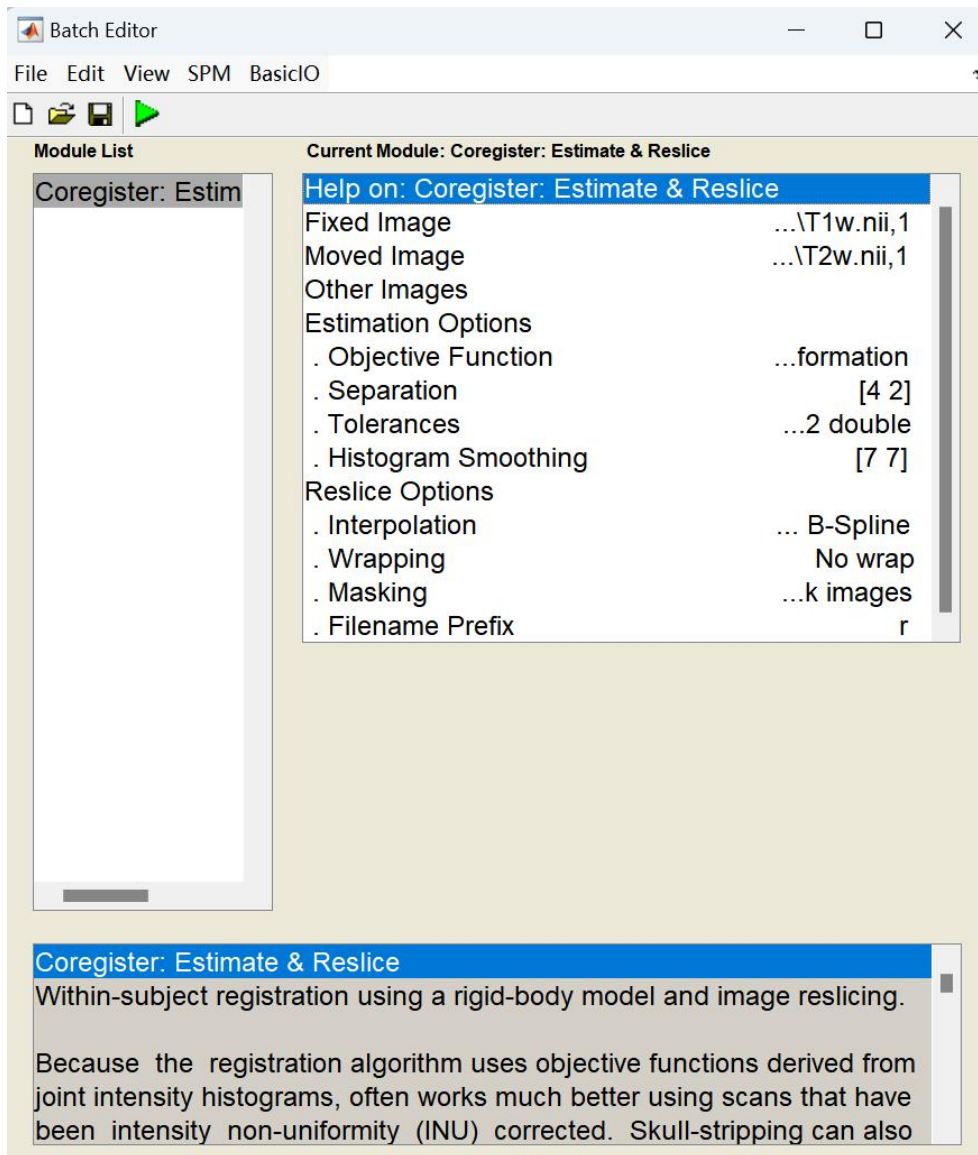
数据类型	T1w 自身	T1w 与 T2w 跨模态
灰度范围（原始）	[0.00, 414.00]	[0.00, 362.00]
切片位置	z=104	
切片尺寸	300×320	300×320
归一化范围	[0.0000, 1.0000]	
互信息值（MI）	1.7239	0.782
联合直方图非零元素	49	1171
直方图最大值	0.7885	0.7885

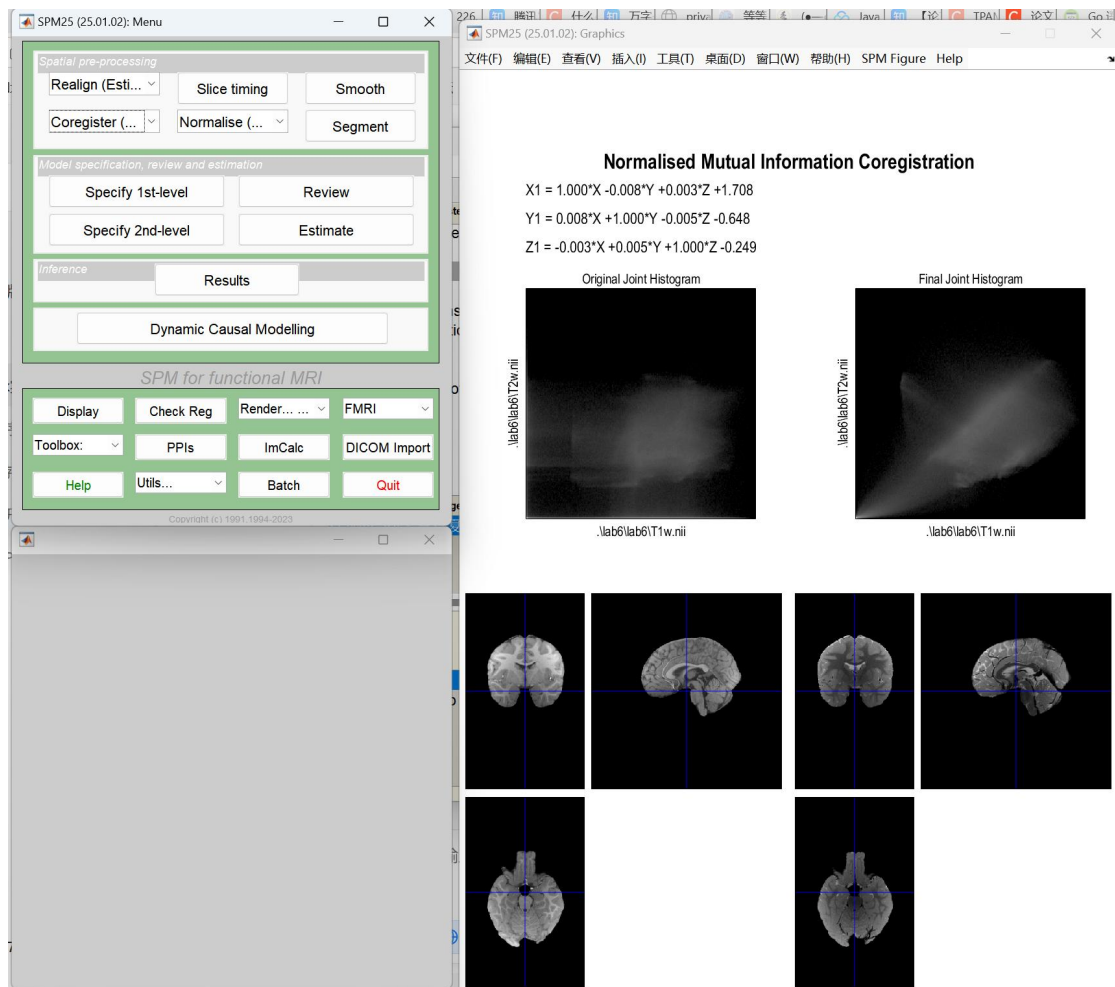
（二）SPM 配准

整个流程是：T2w → 配准 → T1w → 分割和变形 → 模板空间

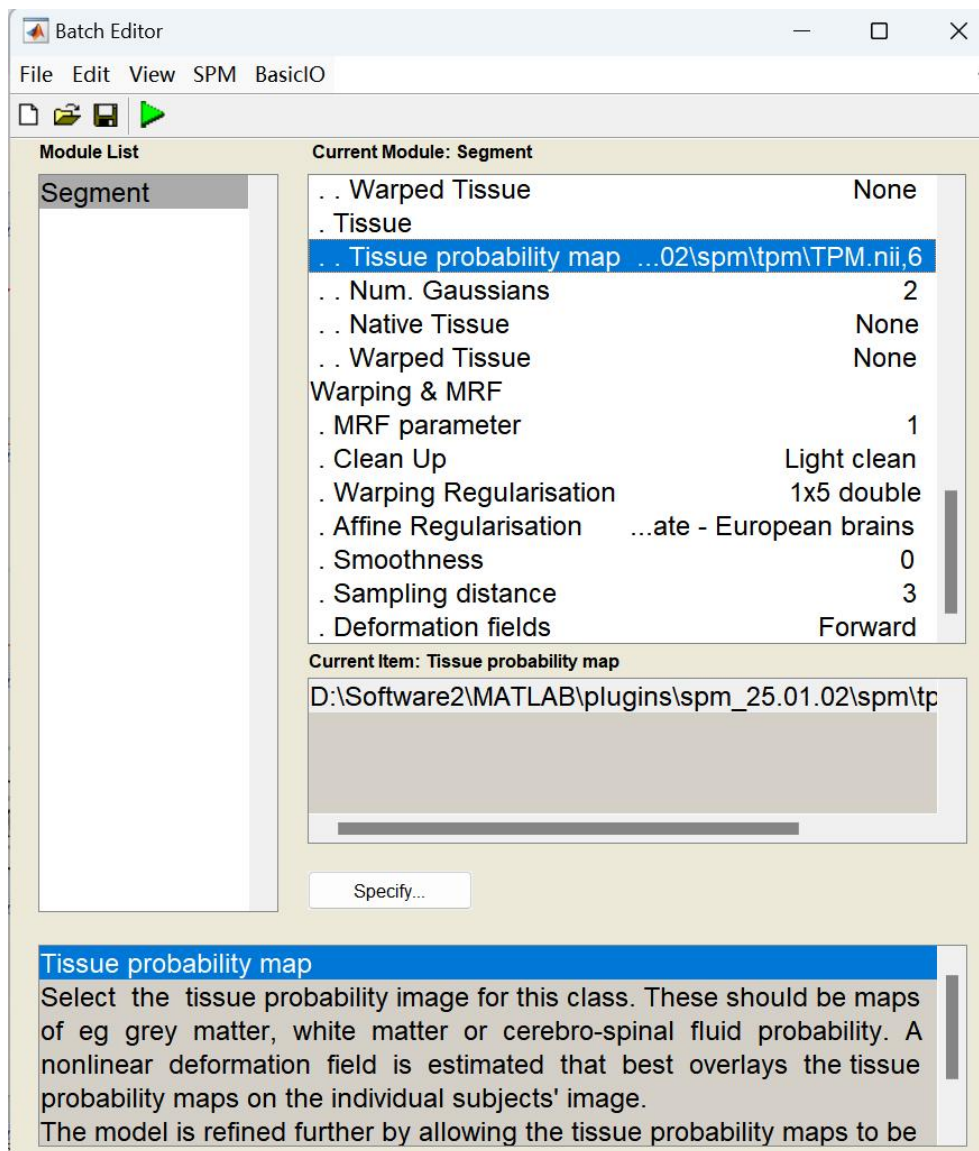
T2w 通过 T1w 作为"桥梁"最终被标准化到模板空间。

1、Coregistration

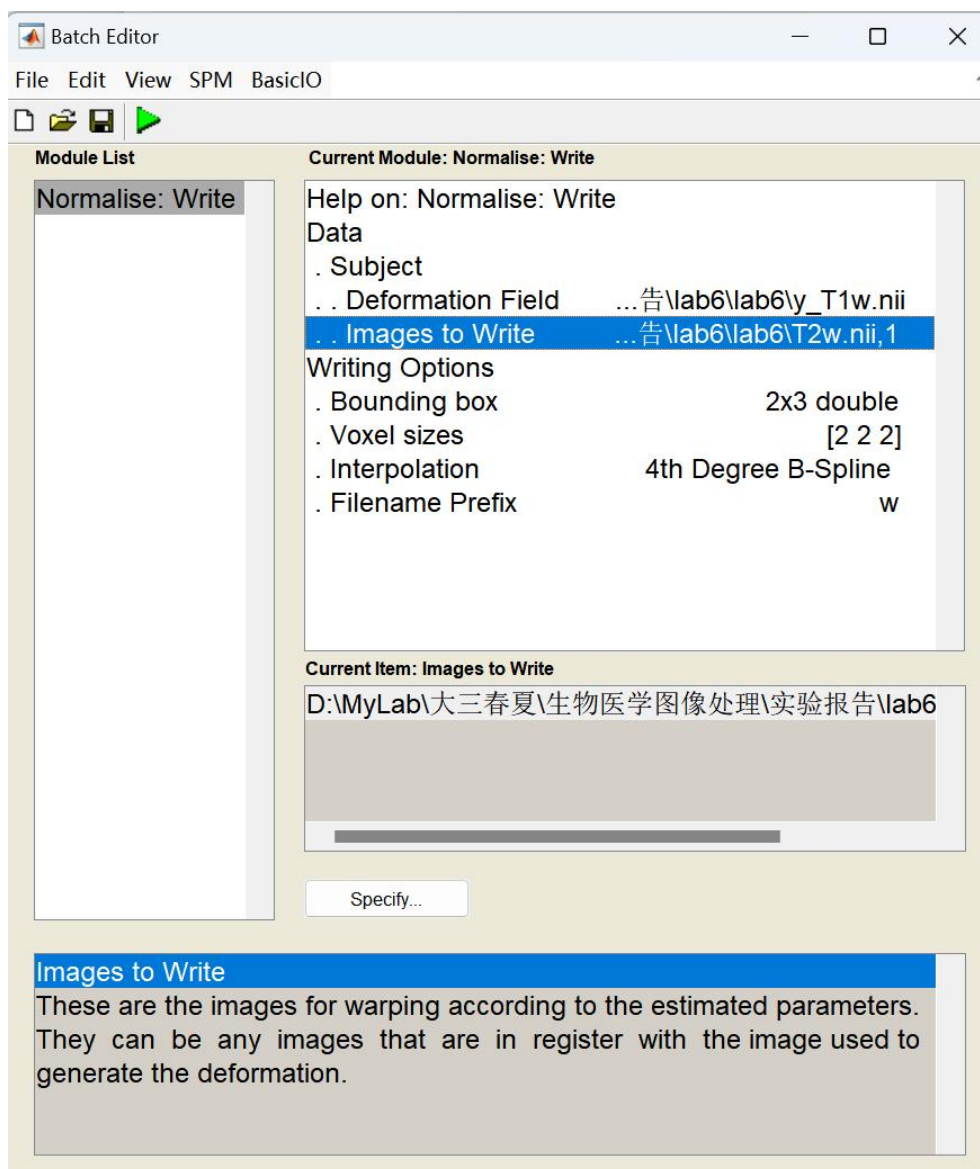




2、Segmentation



3、Normalisation



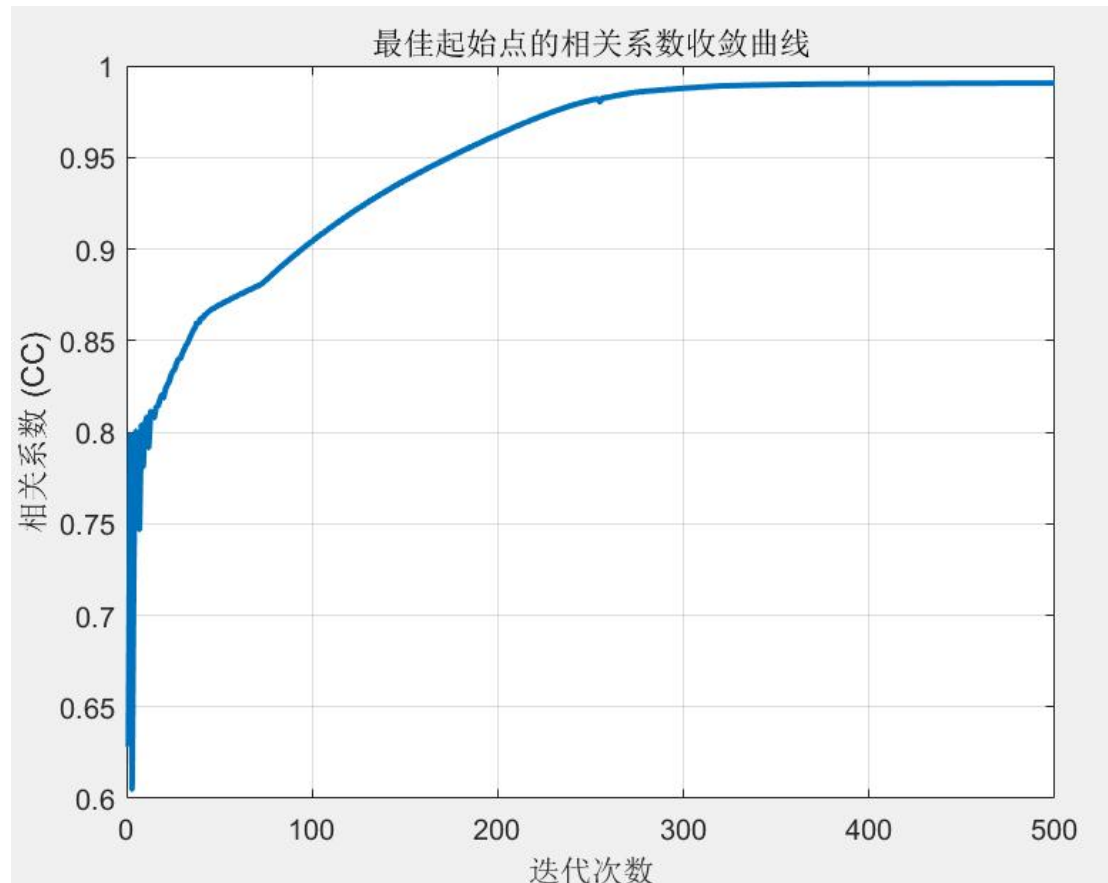
(三) 仿射变换配准

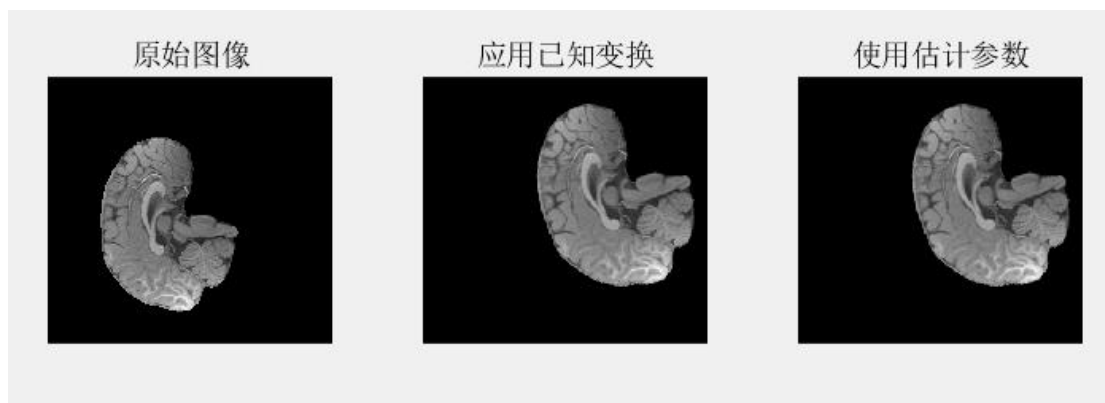
通过多起始点策略，实验尝试了 6 个不同的初始参数组合：

起始点编号	初始参数 [角度, X 平移, Y 平移, 缩放]	最终 CC 值	最终参数 [角度, X 平移, Y 平移, 缩放]
1	[0, 0, 0, 1] 无变换起始点	0.406314	[2.58, 1.68, -4.75, 1.84]

2	[10, 10, 0, 1] 有旋转和平移	0.9184	[14.60, 18.15, -7.19, 1.12]
3	[20, 20, 0, 1] 接近真实平移	0.990599	[17.79, 17.05, 3.78, 1.11]
4	[15, 15, 0, 1.1] 接近真实参数	0.981152	[16.60, 17.80, -2.37, 1.12]
5	[-10, -10, -5, 0.9] 负向变换	-0.128756	[-10.00, -9.98, -4.97, 0.50]
6	[30, 5, 5, 1.2] 过度变换	0.905693	[23.22, -1.52, 17.70, 1.14]

从结果可见，第 3 个起始点获得了最高的相关系数(0.99)，其最终参数也最接近真实值。





六、实验结果与分析

(一) 互信息计算

对于 T1w vs T1w 联合直方图，所有数据点严格分布在对角线上，形成一条完美的直线，这表明图像与自身完全相关（理论上互信息达到最大值）。

T1w vs T2w 联合直方图的数据分布则呈现扩散状态，不再沿对角线分布。这种分散的分布表明两种模态的图像之间存在非线性关系，即 T1w 中较亮的区域在 T2w 中可能较暗，这种模式反映了不同组织在 T1 和 T2 加权成像中的不同表现：

脑脊液的纵向磁化恢复时间（T1 值）较长，在 T1 加权像中，其信号强度较低，通常呈现为暗色；而在 T2 加权像中，其信号强度较高，通常呈现为亮白色。

正常髓鞘化的**白质**含有较多的脂肪成分，脂肪的 T1 值较短，使得白质在 T1 加权像中呈现相对较高的信号，通常为中等偏高的灰度。

T1w 自身的互信息值 1.7239 高于 T1w 与 T2w 跨模态的 0.7820。互信息值衡量的是两图像的相关性，T1w 自身互信息值高，说明同模态图像灰度分布高度相关，像素灰度一致性强；而跨模态互信息值低，反映出 T1w 与 T2w 因组织对比度差异，灰度值关联性弱，也表明两种模态图像需要通过配准来实现空间对齐。

(二) SPM 配准

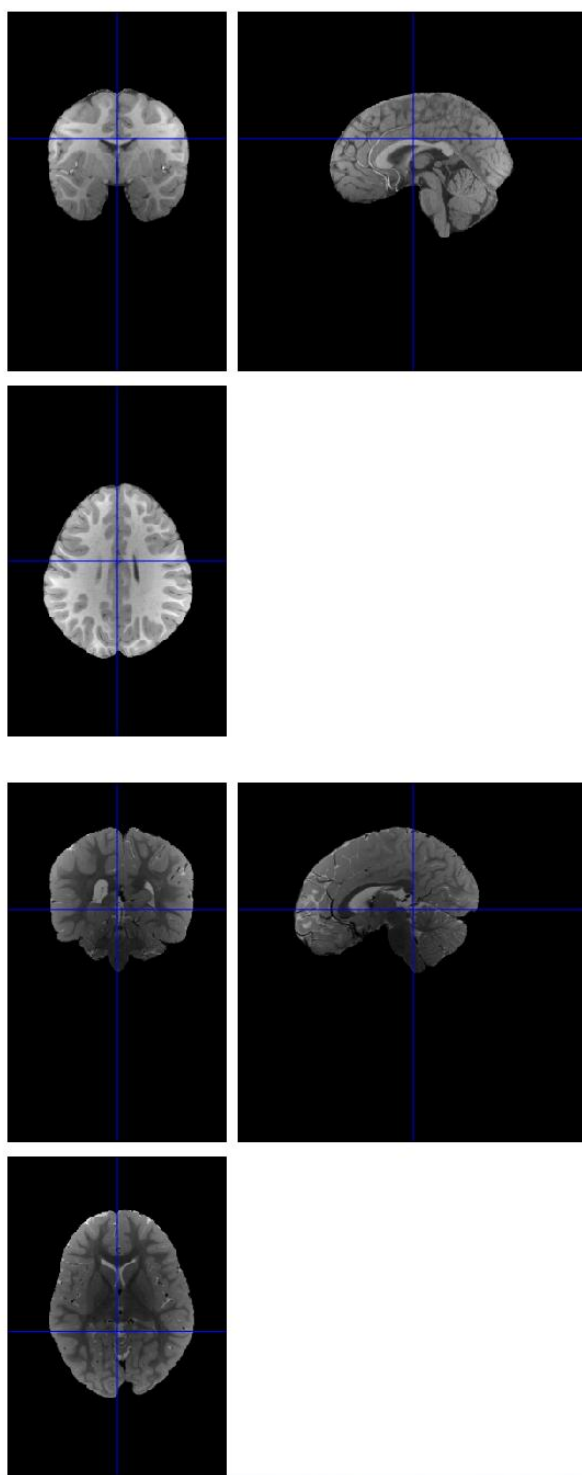


图 1 T1w_copy.nii 和 T2w_copy.nii

图 1 为原始备份的 T1w.nii 和 T2w.nii。在 spm 中可以通过鼠标滚轮进行切片位置的选择。从原始图像可以明显观察到，两种模态的图像尚未对齐，在边缘和内部结构上存在位置差异，这突显了进行多模态配准的必要性。

原始的 T1 加权和 T2 加权图像展示了不同的组织对比度特性。T1w 图像中，

灰质呈现为中等信号强度（灰色），白质呈现为高信号强度（亮色），而脑脊液呈现为低信号强度（暗色）。相比之下，T2w 图像中，脑脊液呈现为高信号强度，灰质和白质的对比度相对较低。

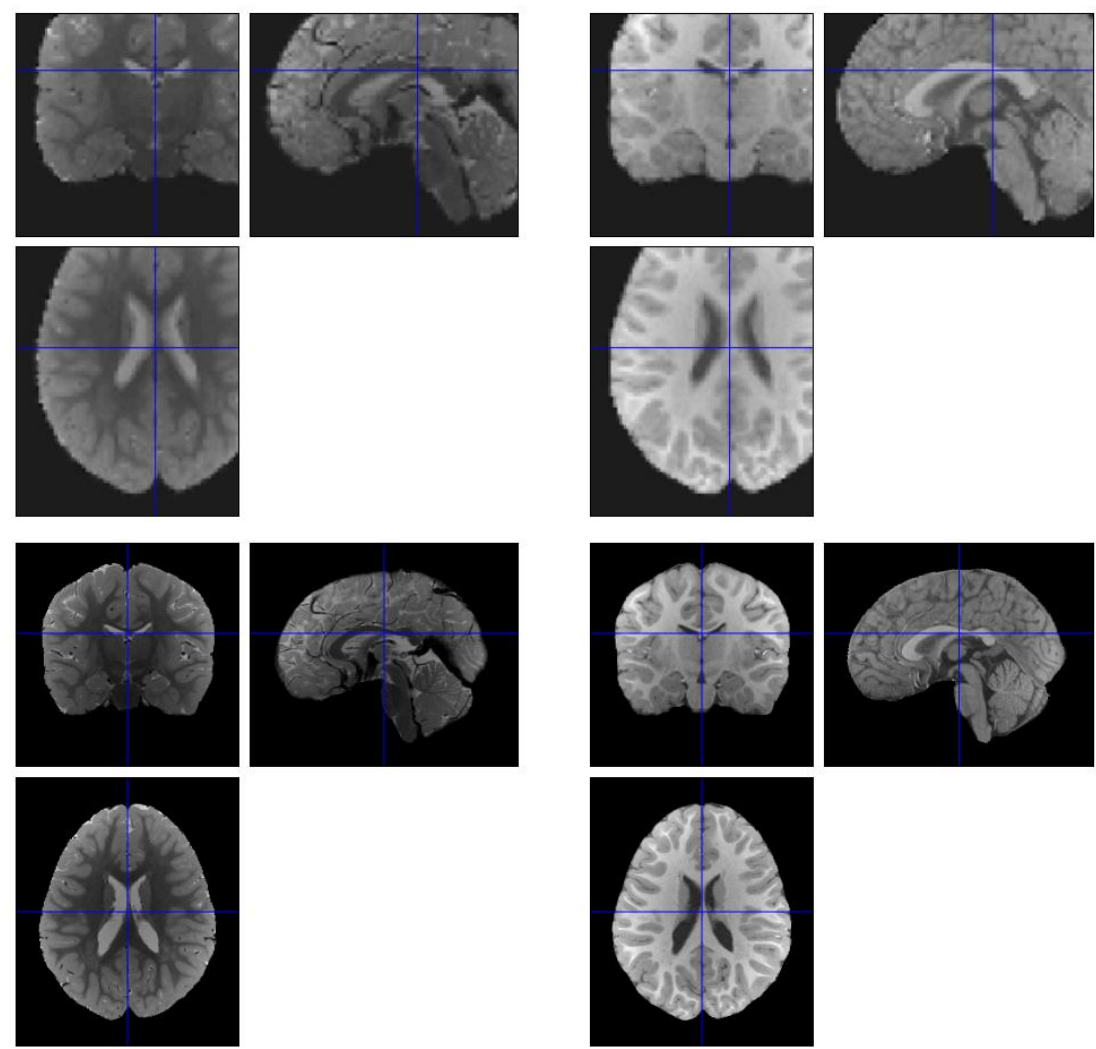


图2 wT2w.nii (T2w 通过 T1w 扭曲到模板)、wT1w.nii (T1w 扭曲到模板)、

T2w.nii (配准到 T1w 的 T2w)与 T1w.nii (原始 T1w)

然后是图 2，这组图像展示了完整的配准处理链。

对比原始 T1w 图像和配准到 T1w 空间的 T2w 图像，可以观察到 T2w 图像已经与 T1w 图像在空间上对齐，表明配准 (Coregistration) 步骤成功实现了两个模态之间的对应。进一步观察 wT1w 和 wT2w，这两个图像已经被扭曲到标准模板空间，其形状和大小都发生了变化，以匹配标准模板的空间维度。值得注意的是，经过配准和标准化处理后，T2w 图像保留了其固有的组织对比度特征，同时实现了与 T1w 和标准空间的空间一致性。

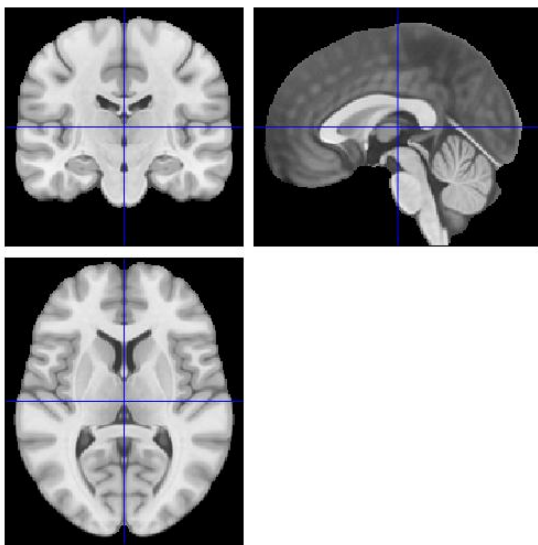
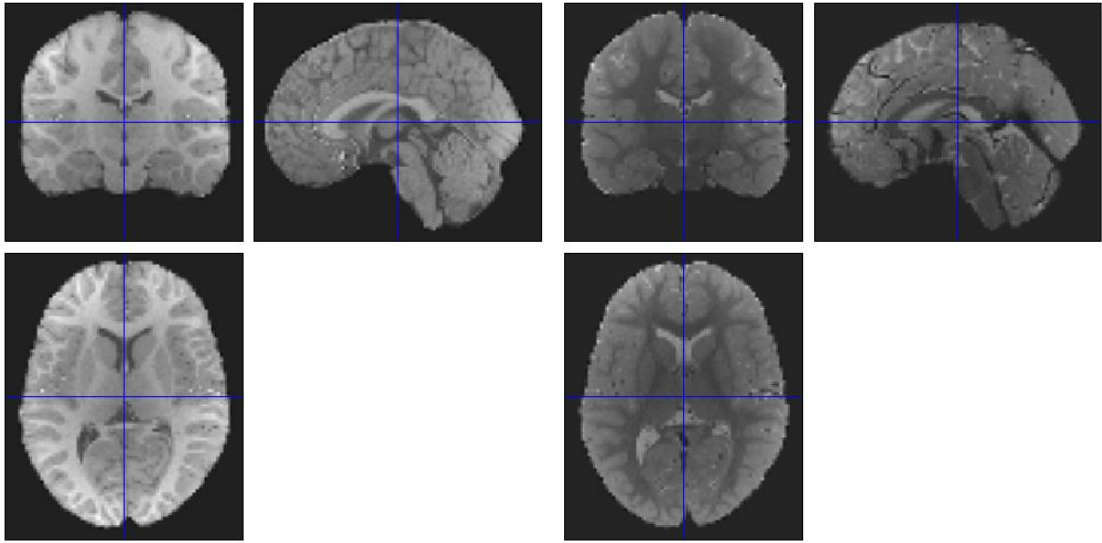


图 3 wT1w.nii (T1w 扭曲到模板)、wT2w.nii (T2w 扭曲到模板) 与 template.nii (ICBM 模板)

标准化后的 T1w 和 T2w 图像与 ICBM 模板的对比清晰地展示了标准化的效果。可以观察到，wT1w 和 wT2w 的整体脑结构形态已经与标准模板高度匹配，包括大脑皮层轮廓、脑室系统和主要皮质下结构。这种标准化使得不同个体的图像可以进行直接比较，对于群体分析至关重要。

从图 3 可以看出，不同模态的图像虽然组织对比度不同，但经过标准化后，它们在同一标准空间中可以被精确对齐和比较。T1w 图像的组织分割信息帮助了

T2w 图像的准确标准化。

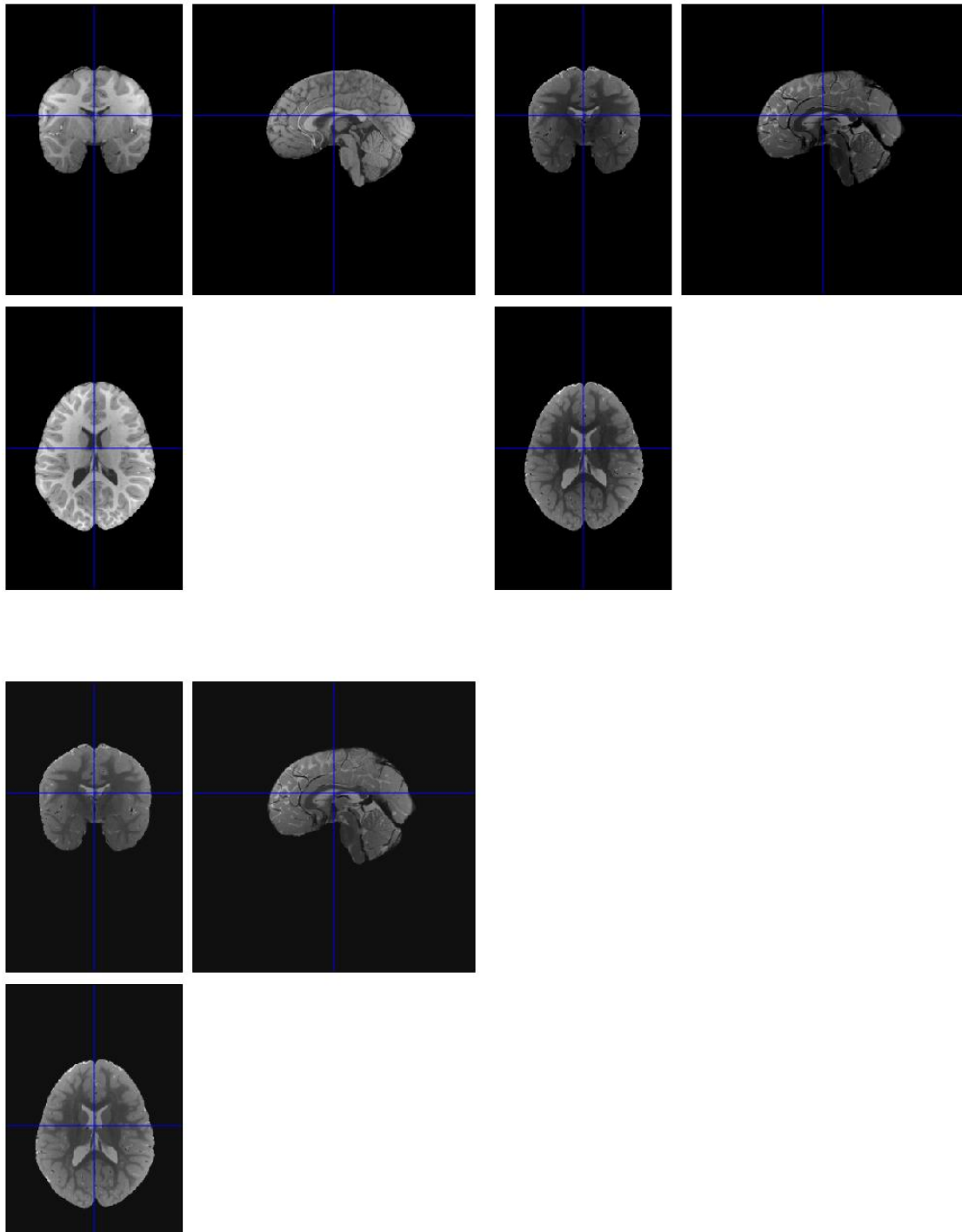


图 4 T1w.nii (原始 T1w)、T2w.nii (配准到 T1w 的 T2w)与 rT2w.nii (重采样的 T2w)

对比原始 T1w、配准后的 T2w 和重采样的 rT2w，可以深入分析配准过程中的细节变化。可以观察到，T2w 经过配准后，其主要解剖结构（如脑室、基底节、皮层）与 T1w 图像实现了良好的空间对应。而 rT2w.nii 作为配准过程的中间结

果，展示了重采样过程对图像质量的影响。从图中可见，重采样操作在保留 T2w 信号特征的同时，调整了其体素排列以匹配 T1w 图像。

（三）仿射变换配准

本实验的最速下降法因为不做要求，所以都是自己探索学习，由于相关系数对参数的导数难以直接计算，因此在这里使用**有限差分法**近似计算梯度，首先对每个参数前与后分别做微小扰动(delta)，计算扰动前后相关系数的变化，用变化量除以 2 倍扰动大小，得到该方向的梯度近似值。

这种方法避免了复杂的解析梯度计算，适用于医学图像这类复杂的目标函数场景。此外，我们还尝试了下面的优化方法：

差异化学习率：平移参数(tx, ty)使用更大学习率($\times 10$)

动量项：动量项通过累积历史梯度信息，使参数更新方向更稳定，有效减少震荡并帮助逃离局部最优解

参数约束：角度限制在 $\pm 90^\circ$ ，缩放因子 >0.5

从迭代记录可见，不同起始点的收敛速度和最终结果差异较大。接近真实参数的起始点（如第 3 和第 4 点）收敛更快，且能达到更高的相关系数。这表明在实际应用中，如果能基于**先验**知识设置更合理的初始参数，将显著提高算法效率和准确性。

七、讨论、心得

本实验通过互信息计算、SPM 配准和仿射变换算法实现，深入理解了医学图像配准的原理与实践。互信息分析揭示了 T1w 和 T2w 模态间的非线性关系，验证了其作为跨模态配准相似性度量的有效性。SPM 工具展示了完整的临床配准流程，从模态间配准到空间标准化，实现了不同个体间的空间对齐。仿射变换实验通过最速下降法成功估计了变换参数，多起始点策略有效避免了局部最优解。实验中梯度计算、差异化学习率和动量项的运用加深了对优化算法的理解。这些方法对医学图像分析、疾病诊断和术前规划具有重要价值，也为个人今后从事医学图像处理领域奠定了坚实基础。

八、实验参考

豆包

Cursor Claude Sonnet 3.7