25/8学校代码：10270 分类号：TN92 学号：152201069



硕士学位论文

**基于模糊聚类的人脑MR图像分割算法及纤维追踪研究**

学 院： 信息与机电工程学院

专 业： 通信与信息系统

研究方向：图像处理与流媒体通信

研究生姓名 ： 刘絮雨

指导教师： 张相芬

完成日期: 2018年5月

# 摘要

磁共振(Magnetic Resonance，MR)成像技术作为现代医学成像技术中的重要组成部分，由于它的非入侵性、高对比度等特点，临床医学方面的对该技术的应用需求日渐提升。MR脑部图像的分割主要是对脑组织进行划分，即将MR脑部图像分为白质、灰质和脑脊液等组织部分，这为医学图像配准、三维重建和可视化提供了基础。但是，MR图像存在部容积效应、灰度不均匀、噪声等缺陷。因此，在实际应用中，脑MR图像的分割受到难以得到较高的精准度。据此，本文以经典的模糊C均值聚类算法为基础，针对MR医学图像存在的缺陷，对算法提出一些改进，并且研究了脑部纤维追踪及可视化等问题，本文做出了以下研究：

（1）针对经典的FCM(Fuzzy C Means)图像分割算法空间信息缺失、精准度低、噪声敏感等问题，本文提出一种结合核函数改进的空间模糊聚类（KSFCM）算法分割脑部MR图像。该算法首先将图像样本空间内的元素通过核函数映射到高维的特征向量空间，提高了图像分割精准度；其次，利用MR图像的正态分布特性提出正态分布的空间信息函数，并将改空间信息函数隶属度函数相结合，有效地解决图像噪声干扰的问题，大量实验结果表明KSFCM算法分割脑部MR图像更精准，高效。

（2）针对传统FCM算法初始聚类中心随机选取造成局部极值以及目标函数收敛较慢等缺点，本文提出一种新的基于KSFCM算法的人脑DTI图像分割算法（C-KSFCM）。首先将DTI数据转成二维标量图像，然后对数据进行降采样处理减少计算量，基于降采样后的数据使用密度峰值算法选取类中心点，最后将选定的点作为KSFCM算法的初始聚类中心对人脑DTI图像进行分割。

（3）为了更加清晰地研究和分析目标分割区域，采用Diffusion Toolkit 和 TrackVis软件对采用的DTI实验数据进行纤维追踪和结果可视化，反映大脑内部神经纤维的结构和走向。为后续的病情诊断、治疗方案确定提供更多更准确的纤维结构信息。

扩散张量成像（Diffusion Tensor Imaging, DTI）是在磁共振成像基础上发展起来的一种较新的成像技术，是唯一能够非侵入地对生物组织中水分子的各向异性扩散特征进行成像的成像模态，它能够提供更多组织微细结构信息。在医学临床上得到了广泛的应用。因此，DTI图像分割、分析及其纤维追踪可视化的深入研究将有助于研究大脑神经纤维结构，并且对脑部疾病的诊断也具有重要意义。

**关键词：**磁共振成像；模糊C均值；图像分割；空间函数；核函数；密度峰值；扩散张量成像；纤维追踪

# Abstract

The Magnetic Resonance (MR) imaging technique in modern medical imaging technology, because of its characteristics, has increased its application demand in clinical medicine. The segmentation of brain image is mainly the segmentation of brain tissue. The image segmentation of MR brain is the basis of medical image registration, 3d reconstruction and visualization, which is the grey, white and cerebrospinal fluid. However, because there is a volume effect, noise, in homogeneity of gray degree and low contrast in the brain MR image, it is very difficult to accurately divide the brain MR image in practice. Accordingly, in this paper, based on the basis of the fuzzy c-means clustering algorithm, aiming at some problems in MR medical images, puts forward some improvement of algorithm, and studies the problem of brain fiber tracking and the visual, this paper made the following research:

(1) According to the classical FCM image segmentation algorithm is lack of spatial information, the problem such as low precision, sensitive to noise, this paper proposes a combined kernel function space of the improved fuzzy clustering (KSFCM) algorithm for segmentation of brain MR images. The algorithm firstly maps the elements in the image sample space to the feature vector space of high dimension through kernel function, and improves the precision of image segmentation. Secondly, the spatial information function of normal distribution is proposed by using the normal distribution of MR image. In this paper, the membership function of spatial information function is combined to effectively solve the problem of image noise interference. A large number of experimental results show that the KSFCM algorithm is more accurate and efficient to divide the brain MR image.

(2) The initial clustering center of traditional FCM algorithm has the disadvantages of local extreme value and slow convergence of target function. A new algorithm based on KSFCM algorithm (C-KSFCM) is presented in this paper. First, the DTI data is transformed into a two-dimensional scalar image, and then the data is sampled to reduce the computation. The center point of the class is selected based on the data density peak algorithm based on the drop sampling. Finally, the selected point as the initial cluster center of KSFCM algorithm is divided into the human brain DTI image.

(3) In order to study and analyze the target segmentation area more clearly, use the Diffusion Toolkit and the TrackVis software to visualize the fiber tracking and results of the DTI experimental data. Reflect the structure and direction of the internal nerve fibers in the brain. Provide more accurate fibrous structure information for subsequent diagnosis and treatment.

Diffusion Tensor Imaging (coursing together Tensor Imaging, DTI) is developed based on magnetic resonance Imaging is a relatively new Imaging technique, is the only one able to non-intrusive to the characteristics of anisotropic Diffusion of water molecules in biological tissue Imaging modality for Imaging, it can provide more subtle structure information organization. It has been widely used in medical clinic. Therefore, the in-depth study, analysis and fiber tracking visualization of DTI image segmentation will help to study the neural fiber structure of the brain and also be of great significance to the diagnosis of brain diseases.

**Key Words:** Magnetic resonance imaging；Fuzzy c-means；Image segmentation；Space functions；Kernel function；Peak density；Diffusion tensor imaging；Fiber tracking

**目录**

[摘要 I](#_Toc503981964)

[Abstract II](#_Toc503981965)

[目录 IV](#_Toc503981966)

[第1章 绪论 1](#_Toc503981967)

[1.1 选题的背景及意义 1](#_Toc503981968)

[1.2 磁共振成像技术 2](#_Toc503981969)

[1.2.1 常规磁共振成像(MRI) 2](#_Toc503981970)

[1.2.2 弥散加权成像(DW-MRI) 2](#_Toc503981971)

[1.2.3 弥散张量成像(DT-MRI) 3](#_Toc503981972)

[1.3 医学图像分割算法研究现状 3](#_Toc503981973)

[1.3.1 基于区域的分割方法 4](#_Toc503981974)

[1.3.2 基于边缘的分割方法 5](#_Toc503981975)

[1.3.3 基于聚类的分割方法 5](#_Toc503981976)

[1.4 研究目标及主要研究工作 6](#_Toc503981977)

[1.5 论文结构安排 7](#_Toc503981978)

[第2章 模糊聚类算法的理论基础及图像分割 8](#_Toc503981979)

[2.1 模糊理论 8](#_Toc503981980)

[2.2 模糊C均值聚类算法 9](#_Toc503981981)

[2.3 改进的模糊C均值算法 11](#_Toc503981982)

[2.3.1 空间约束模糊C均值算法 11](#_Toc503981983)

[2.3.2 基于局部信息改进的模糊聚类改进算法 12](#_Toc503981984)

[2.3.3 结合核函数的模糊聚类改进算法 13](#_Toc503981985)

[2.4 本章小结 14](#_Toc503981986)

[第3章 结合核函数改进的空间模糊聚类 15](#_Toc503981987)

[3.1 结合核函数改进的空间模糊聚类（KSFCM） 15](#_Toc503981988)

[3.2 结果仿真与分析 17](#_Toc503981989)

[3.3.1实验背 景描述 18](#_Toc503981990)

[3.3.2图像分割评价标准 18](#_Toc503981991)

[3.3.3实验结果 18](#_Toc503981992)

[3.3 本章小结 24](#_Toc503981993)

[第4章 DTI图像分割算法 25](#_Toc503981994)

[4.1 DTI图像分割算法的发展 25](#_Toc503981995)

[4.2 扩散张量成像原理 26](#_Toc503981996)

[4.2.1回波平面快速成像 26](#_Toc503981997)

[4.2.2扩散定律 27](#_Toc503981998)

[4.2.3扩散与梯度场的关系 27](#_Toc503981999)

[4.3扩散张量及其各向异性量 28](#_Toc503982000)

[4.3.1 扩散张量的计算 28](#_Toc503982001)

[4.3.2 扩散各向异性量 30](#_Toc503982002)

[4.3.3 数据处理流程 32](#_Toc503982003)

[4.4 基于密度峰值的模糊聚类DTI图像分割算法 33](#_Toc503982004)

[4.4.1 基于密度峰值的聚类中心算法选取 34](#_Toc503982005)

[4.4.2基于密度峰值的模糊聚类DTI图像分割算法 35](#_Toc503982006)

[4.4.3实验结果分析 36](#_Toc503982007)

[4.5本章小结 39](#_Toc503982008)

[第5章 DTI图像的纤维追踪及可视化 40](#_Toc503982009)

[5.1 基于张量域的算法 40](#_Toc503982010)

[5.2 流线跟踪法 42](#_Toc503982011)

[5.3 纤维连续跟踪法 43](#_Toc503982012)

[5.4 张量弯曲跟踪法 43](#_Toc503982013)

[5.5 张量线跟踪法 44](#_Toc503982014)

[5.6 实验结果及分析 46](#_Toc503982015)

[5.7 本章小结 51](#_Toc503982016)

[第6章 总结与展望 52](#_Toc503982017)

[6.1全文总结 52](#_Toc503982018)

[6.2展望 53](#_Toc503982019)

[参考文献 54](#_Toc503982020)

[致谢 57](#_Toc503982021)

[攻读学位期间取得的研究成果 58](#_Toc503982022)

**第1章 绪论**

1.1 选题的背景及意义

作为人体构造的核心，大脑支配着人类思维活动，是人体最重要的器官。然而，脑部是肿瘤、炎症等疾病的频发部位。脑疾病作为高发病率、高死亡率、高致残率以及高复发率的常见疾病通常伴随着多并发症，已经严重威胁当代人类的健康。据调查，在世界范围内，脑疾病的年发病率平均为140/10万~200/10万人口，根据世界卫生组织统计报告可知，中国是脑疾病发病率较高的国家，高于世界平均水平。研究表明，脑疾病患者中，大约62.16%~70%会遗留功能障碍，严重将导致残疾，将近50%的患者无法自理生活，这些现象对家人、社会而言都是较为严重的负担。第三次全国死因调查情况报告表明，脑血管病远超呼吸道疾病与心脏病，成为我国居民死亡的首位原因。是我国居民健康的主要杀手。因此，如何合理的利用医学成像，对脑组织结构进行定性定量地分析与研究，进而探究脑疾病的预防与治疗已经成为目前较为热门的研究对象。

在计算机技术产业的推动下，图形图像技术也得到了迅猛的发展，日渐成熟的医学成像技术[1]在当代临床诊断过程起到了至关重要的作用：核磁共振成像[2] (Magnetic Resonance Imaging, MRI)、计算机断层成像(Computed Tomography, CT)、超声波成像 (Ultrasonic imaging)及X光照相等技术已经广泛应用于医学领域，是目前临床医生最有效的的辅助诊疗手段之一，极大程度上提高了医生的确诊率。其中，MRI具有非入侵的特点，可以在任意方向对生物组织分层成像，对类似脑组织结构的软组织成像对比度高，由于成像参数较多，MRI图像还具有信息量大、空间分辨率高等特点。因此，在脑疾病的医疗诊断、治疗、术前计划和术后监控等各个环节，MRI技术都起到了十分重要的作用。由于MRI技术的独特优势，目前对医学图像处理研究的重心更倾向于MR图像。而医学图像分割技术是目前医学图像处理中最重要的技术之一。

医学图像分割[3][4][5]作为最重要的医学图像处理技术，在病理分析、医疗诊断、生物医学研究等方面都起到至关重要的作用。图像分割作为运动分析、结构分析、三维可视化等后续研究的基础，分割的准确率直接影响后续研究。肿瘤放射治疗、治疗评估、图像引导手术等应用领域都是以精准的图像分割结果为前提的，分割的精准度直接影响医生对疾病的诊断以及治疗方案的确定。由于MR成像的噪声（Noise）、局部容积效应[6]（Partial Volume Effects，PVE）和伪影（Artifacts）等缺陷，图像的精确分割面临着很大的困难。并且，医疗图像的复杂性、不同个体间的差异性等都提高了医学图像分割的困难程度。

近年来，医学成像技术的发展也带动了医学图像处理技术的提升，在医学图像的质量和清晰度提升的过程中，医学图像分割技术也需要更高的精准度。于是很多非常优秀的分割理论和方法在学术界被提出，但是这些分割理论方法在某些方面的效果却差强人意，所以它们还存在着许多的研究和改进的空间。由于现代医学图像在临床医学诊断和治疗上的地位不可动摇，研究较为合理的医学图像分割方法是当下学术领域十分重要的任务。

1.2 磁共振成像技术

1.2.1 常规磁共振成像(MRI)

磁共振成像，也称核磁共振成像(Nuclear Magnetic Resonance Imaging。NMRI)，其成像的物理基础是核磁共振(nuclear magnetic resonance，NMR)理论。1946年，两位美国科学家FelixBloch和EdwardM.Purcell分别发现了核磁共振现象：在外磁场的作用下，某些绕主磁场(外磁场)进动的自旋的质子(包括人体中的氢质子)在短暂的射频电波作用下，进动角增大，当射频电波停止后，那些质子又会逐渐恢复到原来的状态，并同时释放与激励波频率相同的射频信号，这一物理现象被称为核磁共振。1978年，由英国诺丁汉大学和阿伯丁大学物理学家首次研制成功MRI系统设备，并获得第一副人体头部MRI图像。由于软硬件技术的飞速发展，MRI技术得到快速发展并最终获得普及。

1.2.2 弥散加权成像(DW-MRI)

20世纪80年代中期LeBihan等人第一次提出了磁共振弥散加权成像[7](DW-MRI)概念。弥散，是生物体内最重要的运动之一。分子的弥散运动是由于两个环境之间不同的浓度造成的。在常规MRI过程中，水分子的不规则热运动将导致氢质子相位缺失而产生信号丢失，而DW-MRI的工作原理正是看重水分子这一弥散特性，利用一对弥散敏感梯度脉冲将此效应扩大，并以此来研究不同组织中水分子弥散运动状态的差异。

人体中70%是水，通常所说的弥散主要指水分子或含水组织的弥散。MR通过氢质子的磁化来标记分子而不干扰它的弥散过程。在任一常规MR成像序列中加入弥散梯度突出弥散效应即可行弥散加权成像，可以对组织中水分子的弥散行为直接进行检测。人体内水分子弥散运动速率与状态呈微米数量级的运动变化，与人体组织细胞的大小处于同一数量级。因此，弥散加权成像使MRI对人体的研究深入到细胞水平的微观世界，反映着人体组织的微观世界几何结构以及细胞内外水分子的转运等变化。

1.2.3 弥散张量成像(DT-MRI)

上世纪80年代末，人们在脊椎和脑白质的DW-MRI研究中发现一些组织中水分子的弥散运动在各个方向的强度不同，即组织弥散存在各向异性。弥散张量成像[8][9](diffusion tensor imaging, DTI)作为扩散核磁共振成像的模型之一，最早于1994 年由Basser等人提出。该模型将生物组织内水分子的扩散运动位移以统计分布的形式描述，其概率密度函数构造成均值为零的三维高斯分布，使得定量的，无损的测量脑组织中水的弥散各向异性成为可能。通过DT-MRI技术观测人体内微米数量级水分子弥散运动速率与状态，该运动变化与人体组织中细胞的大小处于同一数量级[10]，因此，活体水分子弥散的研究使对组织的研究深入到了更微观的水平，它反映着人体组织的微观几何结构[11]。DTI具备其他医学成像难以做到的在分子的随机弥散运动可以反映活体组织的微细结构。目前，DT-MRI技术已经广泛地应用于临床病理的研究中，如中风、老年痴呆症、精神分裂症、脑缺血等等，并且它在脑神经学研究方面也将大有作为。

在均质的水中，水分子的弥散运动是一个三维的随机运动，在不同的方向上弥散程度相同，称为各向同性（isotropic）。而在人体组织中，水分子在三维空间的弥散要受多种局部因素如细胞膜及大分子物质的影响。尤其在有髓鞘的神经纤维中，水分子沿轴突方向的弥散速度远大于垂直方向的弥散，此种有很强方向依赖性的弥散，即弥散的各向异性(anisotropic)，即水分子的活动在各个方向上其弥散规律不是随机均等的，而是有弥散方向的不均匀性。这个现象在脑白质、骨骼肌、心肌等多种组织中均可见到。各向异性的程度用量化指标来测定，并用向量图或彩色编码来表示即为弥散张量成像。

1.3 医学图像分割算法研究现状

医学图像分割是高层次医学图像理解和解释的前提条件和基础，在医学上的应用范围很广，例如：医学研究、临床诊断、病理分析、手术计划、影像信息处理，计算机辅助手术等。在所有这些应用中，图像分割是一个必不可少的预处理环节。然而，医学图像分割到今天仍然没有获得完美的解决，一个重要的原因是医学图像通常包含诸如噪音、场偏移效应、局部体效应等复杂信息，从而使获取的医学图像不可避免的具有模糊、不均匀等特性。另外，人体的解剖组织结构复杂而且有很大的不确定性。这些都给医学图像分割带来了困难。为了解决医学图像的分割问题，近几十年来，许多的研究人员做了大量的工作，因此也使医学图像分割成了医学研究和计算机图像领域的研究的热点。

图像可以用来分割的特征包括：图像灰度特征、颜色特征、纹理特征、局部统计特征或频谱特征等，利用这些特征的差别可以区分图像中不同目标物体，针对各种应用领域的需求来选择合适的分割方法。根据分割算法适用性的不同，目前图像分割方法主要分为两大类：一类方法是基于区域的方法，通常是对一副图像按其特征相似性划分为若干意义的区域主要有阈值分割法、区域生长和分裂合并法、分类和聚类方法、基于随机场的方法。另一类方法是边缘分割方法，通常利用区域间不同性质(如区域内灰度不连续性)划分出各个区域之间的分界线，这类方法通常导致不完全的部分分割结果，比如分割结果中存在间断现象，或者得到错误的边缘，主要有边缘检测、基于形变模型的方法。近年来，随着统计学理论、模糊集理论、神经网络、形态学理论、小波理论等在图像分割中的应用日渐广泛，遗传算法、尺度空间、多分辨率方法、非线性扩散方程等近期涌现的新方法和新思想也不断被用于解决分割问题。根据现有的一些图像分割研究[12][13][14]分类，目前的医学图像分割方法主要分为以下三种类型：基于分类的分割方法，基于区域的分割方法和基于边界的分割方法。

1.3.1 基于区域的分割方法

基于区域的医学图像分割方法试图通过识别图像中不同物体的不同均匀区域对图像进行分割。与基于分类的分割方法不同的是：基于区域的分割方法明确的考虑到了相邻像素间的空间关系。

(1) 区域生长法

区域生长法[15][16]是一种比较简单基于区域的分割方法。区域生长方法通常以位于区域中的一个或多个种子点作为起始，在图像中找出一系列种子点，把其邻近像素（或子区域）归并，将这些新像素作为新的种子像素继续归并，使区域逐渐生长扩大，直到可以完全覆盖整个区域为止。因此，区域增长的过程被描述增长机制的规则和在每个增长步骤中检查均匀性的规则所控制。因为只有与初始种子点有r-连接的像素才被分类，避免了不是对象部分的孤立像素点被分进对象范围，所以这种算法可以减少“误分”的像素数目。区域生长法存在的不足之处有：

1. 如何定义区域一致性准则；
2. 其分割结果和种子点的选择有很大关系；
3. 此法对噪声也很敏感，可能形成孔状，甚至是根本不连续的区域。

(2)区域分裂合并算法

另一种基于区域的分割方法是分裂－合并算法[17]。在医学图像的分裂－合并算法中，一副图像先被根据一定的法则分裂成许多小区域，然后，通过判断各个小区域是否足够相似来进行合并过程，最终完成图像的分割。其中，分水岭算法被广泛应用在分裂－合并算法中，Sijbers等人首先运用分水岭算法将图像分割成若干区域，以完成分裂过程，然后提出了一种半自动的方法进行区域合并。

1.3.2 基于边缘的分割方法

基于边缘检测[18][19][20]的方法该方法主要是通过微分检测出区域的边缘，然后再根据此边缘进行下一步分割，利用各个区域之间图像特性的不一致性，首先检测图像中的边缘点，然后按一定的策略和算法连成闭合的曲线，从而构成分割区域。通常图像边缘是灰度、颜色和纹理等性质不连续的地方，对于边缘的检测经常需要边缘检测算子[21]包括：Roberts算子、Laplace算子、Sobel算子、Prewitt算子、Kirsch算子、Rosonfeld算子及Canny算子等。

为减少噪声对图像的影响，通常在求导之前先对图像进行滤波。常用的滤波器主要是高斯函数的一阶和二阶导数，John Canny认为高斯函数的一阶导数是最优滤波器的较好近似。计算机视觉的创始人Marr首先提出采用Laplace算子求高斯函数的二阶导数得到LOG滤波算子。近年来研究的滤波器还有可控滤波器，B-样条滤波器等。

1.3.3 基于聚类的分割方法

聚类是把具有相似性的事物区分加以分类。聚类分析[22]就是用数学方法，按一定要求和规律对事物进行分类的方法，它不仅是多元统计分析的方法之一，而且也是统计模式识别中的非监督模式识别的一个重要分支，聚类分析是一种无监督分类方法，其目的在于挖掘数据集合的内部结构特征而根据特定的相似性度量将数据集划分成一定数目的子集，使得同一子集内部的样本具有较大的相似性，而不同子集间的样本具有较小相似性。不同的出发点和准则通常会导致不同的聚类算法。距离或相似性的度量是聚类算法的基础。

主要的聚类方法有：基于平方误差的聚类，如K-means算法[23]；基于混合密度的聚类[24]，如期望最大(EM)算法和高斯混合密度分解(GMDD)算法；基于图论的聚类，如基于连通性核的聚类(CLICK)；基于组合搜索技术的聚类，如遗传引导算法(GGA)；模糊聚类，如模糊C均值聚类(FCM)；基于神经网络的方法，如自组织映射方法(SOM)；基于核的方法，如支持向量(SVM)。其中，模糊C均值聚类算法[25][26][27](Fuzzy C-Means，FCM)在分割脑组织MR图像中最受研究者欢迎。模糊聚类算法的研究从1969年Ruspini提出模糊划分的概念开始。真正有效的方法是由Dunn提出的他将硬C均值聚类算法推广到模糊情形。1974年，将Dunn的方法一般化，给出了基于最小二乘法原理的迭代优化算法，建立了模糊C均值聚类理论。1980年Bezdek证明了FCM算法的收敛性并讨论了FCM算法与硬C均值聚类算法的关系。从此，基于目标函数的模糊聚类方法蓬勃发展起来。

FCM通过对目标函数的迭代优化来获取对数据集的模糊分类，适合于图像存在不确定性和模糊性的特点。同时FCM算法是属于无监督的分类方法，聚类过程中不需要任何人工的干预，很适合于自动分割的应用领域。尽管FCM在图像分割领域有着众多优点，但其仍存在以下主要问题：FCM聚类过程中仅考虑了每个像素的灰度值分别与各聚类中心的距离，各像素间的数据是相互独立的，未考虑相邻像素之间的影响，也就是未能利用空间信息，导致FCM算法抗噪性能很差；算法依赖于初始聚类中心等初始参数的选择；需要迭代逼近能力最小值，计算量大。近年来，针对以上三个主要问题，大量基于FCM改进算法被提出。主流的改进方向是针对如何合理地利用空间信息，解决原始FCM没有考虑空间信息的缺点。

1.4 研究目标及主要研究工作

本文的研究目标主是提出新的人脑MR图像分割算法以解决传统分割算法的复杂度高、效率低、准确率低以及难于实现等缺点，并对人脑DTI图像的全脑和感兴趣区域进行了纤维追踪和可视化。本文研究内容如下：

（1）基于基础FCM算法进行研究，提出了一种新的结合核函数改进的空间模糊聚类人脑图像分割算法。本文提出的KSFCM算法分割人脑MR图像，基于核函数的算法，将图像样本空间内的元素通过核函数映射到高维的特征向量空间，提高了图像分割精准度；并且基于图像的正态分布特征提出一种新的空间信息与隶属度函数结合，合理的利用了图像的空间信息，有效的弥补了传统FCM算法对噪声敏感的不足。

（2）研究了扩散张量成像基础，总结DTI图像分割的背景及现状。利用相关公式的推导，编程实现扩散张量的二维可视化过程，将DTI数据转换成标量进行分割处理。

（3）首次将密度峰值算法和KSFCM算法结合起来，提出C-KSFCM算法，充分考虑体素之间的距离及密度因素，准确的找到密度较大，且相距较远的类中心点作为初始值，避免了模糊聚类因初始点随机选取陷入局部极值的误差，对DTI数据分割较为精准。并且在算法中通过对数据进行降采样和曼哈顿距离替换欧式距离来减小计算量，提高运算效率。

（4）有关DTI研究另一项重要进展是将人脑组织中的神经纤维束可视化。本文利用Diffusion Toolkit和TrackVis软件对本文分割的DTI数据进行了纤维追踪和统计分析，为因纤维束缺失或结构异常造成的疾病诊断提供有效信息。

1.5 论文结构安排

本论文共分为六个章节，其主要章节安排如下：

1. 介绍了课题研究的背景及意义，医学图像分割算法的研究现状，给出了论文的研究目标、主要研究工作及论文结构安排。
2. 介绍了模糊理论及其集合概念，展示了模糊C均值原理的推导过程。最后介绍了因模糊C均值在实际应用不足而衍生出的一些改进的模糊聚类算法。
3. 提出了一种新的结合核函数改进的空间模糊聚类人脑图像分割算法。该算法是基于核函数的算法，将图像样本空间内的元素通过核函数映射到高维的特征向量空间，提高了图像分割精准度；并且基于图像的正态分布特征提出一种新的空间信息与隶属度函数结合，合理的利用了图像的空间信息，有效的弥补了传统FCM算法对噪声敏感的不足，最后通过各种模糊聚类算法对脑MR图像做了大量的分割实验对比。
4. 首先介绍了DTI图像分割的背景、扩散张量成像的原理及其二维可视化过程，然后基于DTI数据的特点将密度峰值算法和KSFCM算法结合起来，提出C-KSFCM算法，高效精准的分割DTI数据。并且本文通过对DTI数据进行分割实验并定量分析。
5. 介绍了经典纤维追踪的原理与方法，并采用Diffusion Toolkit 和 TrackVis 软件对DTI数据进行了纤维追踪和统计分析。
6. 对全文进行了总结，提出了论文存在的问题及对未来工作的展望。

**第2章 模糊聚类算法的理论基础**

在模糊集与聚类理论发展成熟的基础上，模糊聚类理论被提出。在实践中，由于磁共振图像存在的一系列不足，如图像灰度不均匀、组织间边界引起的部分容积效应、噪声等，给该图像的分割造成了很大的干扰。模糊集理论可以良好的描述不确定性的情况，使用模糊C均值(Fuzzy C-Means, FCM)算法分割图像，可也有效地解决MR图像缺陷所带来的干扰。目前已普遍应用于医学图像处理，是目前最著名的模糊聚类算法。

2.1 模糊理论

模糊理论[28](fuzzy theory)具有良好诠释可变性目标的能力，该理论为传统的聚类算法提供了了新的思路。Zadeh于1965年提出[29]模糊集合理论，并且提出“隶属函数”的概念直观地表述了类别划分的中间地带，即集合中元素见的边界不是确定划分的，模糊集合[30][31]中的元素具有连续性。模糊性是用每个元素划分到集合的不确定性表示的。即个体元素以一定的程度属于某个集合，也可以同时以不同的程度属于几个集合。

在确定性的集合中，集合A唯一确定，表达式如下：

 （2-1）

即和有且只有一个可以成立，x是否归于集合A完全取决于的值是否为1，元素与集合存在一一映射关系，界限清晰。

而模糊集合理论界限是含糊的，为了描述这一理论，研究者将经典集合中离散的0、1二值判定映射到连续域[0,1]上。

设U为论域，作为控制的函数，其值域为[0,1]，即

 （2-2）

表示集合A的隶属度函数，元素的从属度受值的影响，接近1的程度越大，的从属度越高；越接近0，的从属度越低。

对于离散的有限集合，模糊集合可表示为。为了更好的表示论域元素的隶属度概念，Zadeh提出了如下形式的表达方式：

 （2-3）

其中为对A的隶属度。代表元素与隶属度函数的特殊关系，不表示分子分母相除的关系。

对于连续的集合U，其模糊集合可以由式2-4表示：

 （2-4）

与式2-3相同，代表元素与隶属度函数存在的特殊关系，而“”的意义也仅代表各元素以其隶属度关系的总括。

实际应用中，更多的事件具有不确定性，使用模糊集合的概念去对问题建模求解可以得到更加准确的结果。目前模糊理论已经广泛应用于生物学、医学、信息检索、模糊控制、系统理论等各个方面[32][33]。由于磁共振图像成像技术的自身缺陷，位于组织边界的体素点可能包含布置一种的组织信息，我们称这种情况为医学图像的部分容积效应，其决定了医学图像的模糊性，像素点的部分容积比例可以用隶属度函数来表示，图像的模糊度就被很好地诠释。建立在模糊集合理论基础上的模糊C均值算法现在已经广泛应用在医学图像分割问题上。

2.2 模糊C均值聚类算法

经典的FCM图像分割算法[34][35]，是指在没有训练样本条件下仅考虑当前像素灰度值，将体素划分为若干个类别的过程。FCM算法的原理是：将图像数据集代入目标函数迭代，求得函数最小值，从而将数据集分为个模糊类。其中，目标函数定义为：

 (2-5)

式中，为隶属度矩阵，代表体素隶属于第类的程度，代表第类的聚类中心点，为可调参数，用来衡量分割结果的模糊程度。隶属度函数用来描述体素属于类的水平，目标函数的约束条件为：

 (2-6)

对式(2-5)根据拉格朗日乘数法的原理和对应的约束条件式（2-6）进行推导：

 （2-7）

式2-7拉格朗日方程最优化的一阶必要条件为：

 （2-8）

 （2-9）

由式（2-9）得：

 （2-10）

将式（2-10）代入式（2-6）得：

（2-11）

因而

 （2-12）

将上式代入（2-10）可得：

 （2-13）

因此，目标函数的隶属度函数为：

 （2-14）

同理，对求偏导可得：

 （2-15）

对式（2-15）有，移项得：

 （2-16）

根据样本数据集的分类个数，FCM算法使用式（2-14）和式（2-16）确定样本的隶属度矩阵和聚类中心，反复迭代优化目标函数式(2-5)实现的，具体步骤如下：

**步骤1** 设置聚类中心和初始化隶属度矩阵，确定和的值，确定迭代停止判定值，初始化迭代次数。

**步骤2** 通过式(2-14)和类中心点矩阵推导隶属度矩阵：

**步骤3** 根据式(2-16)利用更新聚类中心矩阵：

**步骤4** 若，则算法停止，否则，重复步骤2，步骤3，并且置。

算法迭代停止时，可以得到各个样本对于不同类别的隶属度值和不同类别的聚类中心，进而得到模糊划分的结果。在实际应用中，根据需求也可以使用一定的规则对结果进行去模糊处理，从而得到确定性的分类。

FCM保留无监督、效率高、可实施性强等优点，在高信噪比的情况下可以得到较好的分割结果。尽管FCM具有很多优势，但在实际应用过程中还存在着很多缺点。FCM算法在分割图像时只考虑单一的独立像素信息，忽略了图像邻域像素点具有相似属性的特点，在含有噪声的图像中突变点及异常点对图像分割的结果也将造成一定的影响。

2.3 改进的模糊C均值算法

2.3.1 空间约束模糊C均值算法

图像的空间信息在图像分割过程中是不可忽视的重要信息，即图像中的邻域像素间的高度空间相关性。一般情况下，邻域像素的属性较为相似，它们属于同一类别的概率也相对更大，然而经典的模糊C均值算法却忽视了邻域像素间的空间关联。因此在分割过程中极易受到噪声等因素的干扰。Ahmed在模糊C均值聚类方法的目标函数中加入了图像中对应邻域像素的空间约束条件，得到了基于空间约束的模糊C均值聚类算法[36](Fuzzy c-means clustering algorithm with spatial constrains, FCM\_S)，该方法的目标函数为:

 （2-17）

其中，N为像素点总个数，c代表聚类数目，是的邻域像素，表示第i类的聚类中心点，为控制邻域像素与中心像素相关联程度的参数，表示像素的邻域像素点个数，m代表模糊因子。式(2-17)中的求和项即为空间约束项，其作用是保持像素为中心邻域内的像素点取值的协调性。FCM\_S算法相比经典的FCM算法有较强的噪声抑制能力。

分别对和求偏导，求得的隶属度以及聚类中心的表达式为：

 （2-18）

 （2-19）

FCM\_S算法通过在目标函数上添加邻域空间约束项的方法，在特定的范围内提高了图像分割的抗噪能力以及精准度，然而FCM\_S算法最大的缺点是每次迭代都要计算邻域信息，从而整个算法计算量大，收敛慢，分割时间较长。为了解决FCM\_S算法效率低，准确率不高的缺点，Chen[37]等人基于该算法使用结合邻域均值和邻域中值滤波的方法先后提出了FCM\_S1和FCM\_S2算法，得到了广泛应用。其目标函数如下：

 (2-20)

其中，是控制参数，代表包含在以像素为中心的窗口邻域像素均值或中值，相较于SFCM算法，中心像素的邻域均值或中值用代替来表示，可以有效地减少算法的运行时间，提升算法效率。FCM\_S1和FCM\_S2算法分别对高斯和椒盐噪声有效。

2.3.2 基于局部信息改进的模糊聚类改进算法

FCMS算法、FCMS\_1算法和FCMS\_2算法中，都含有用来调节空间信息程度的参数，该参数的在平衡噪声干扰和图像细节的精准度方面起到至关重要的作用，它的大小将直接影响最终的分割结果。然而，算法中参数的设定通常较为困难，若的值较大，分割结果的图像细节将会失真，如果的值较小，则很难避免噪声干扰。针对这种情况，Stelios Krinidis 和 Vassilios Chatzis 提出了基于局部信息的改进 FCM 算法(Fuzzy Local Information C-Means Clustering, FLICM)[38]。与上述改进算法不同，FLICM算法在不调节任何其他参数的情况下也可调用邻域信息，因此避免了算法中调节参数的干扰。

FLICM 算法中目标函数定义为：

 (2-21)

其中为模糊因子，表示内像素与聚类中心的欧式距离加权和，反映了FLICM算法中对邻域信息的利用，定义为：

 （2-22）

其中，为K的邻域像素点集合，为像素相对于类别*k*的隶属度，表示*k*的灰度值，为第i聚类的聚类中心。

不同的是，该算法不是严格按照目标函数最小化为目的来更新聚类中心和隶属度函数的，而是依照 FCM 算法和 FCM\_S 算法的更新过程移植过来的，如下式所示：

 （2-23）

 （2-24）

FLICM算法通过引入模糊因子，避免了调节除必要参数m、C之外的其它参数，算法可以自动平衡图像细节以及噪声干扰。并且，相较传统的FCM算法，该算法将空间信息与图像灰度相结合，减少了算法对噪声的敏感性，分割效果有了极大的改善。

2.3.3 结合核函数的模糊聚类改进算法

传统的FCM算法在球形分布样本的聚类情况表现较好，而对簇状分布的样本进行聚类分割时，结果往往不太理想。针对算法的这一缺陷，学者们在研究过程发现了一种新的核函数——Mercer ，在函数表达中，该核的作用德海将数据集从低维空间化到高维空间中，从而将的复杂的非线性问题转换为较为简单的线性问题进行处理。因此在对任意形状的图像进行分割也可以得到较为理想的结果。Girolami[39]，Zhang等人最先将 Mercer 核引入到聚类算法中，并且提出了基于核函数的模糊聚类算法；Z.Wu，Zhang.D.Q[40]等人在前人的研究基础上，在FCM算法的目标函数中引入了核函数，提出了基于核函数的模糊 C 均值聚类算法（KFCM），解决了FCM算法因样本分布情况导致的聚类效果差的问题。此算法的目标函数为：

 （2-25）

式中为样本空间的非线性映射，且

 （2-26）

为内积核函数，常见的核函数有：高斯核函数、多项式核函数和Sigmond核函数。在实际应用中，大量经验表明高斯核函数具有更好的性能，由于高斯核函数的核值的范围为（0，1），因此该核还具有简化计算过程的优势。对于高斯核函数，则有，于是 KFCM 算法的目标函数可以简写为

 （2-27）

该算法也是利用拉格朗日方程求解，使用目标函数极小化来得到聚类结果，根据隶属度函数以及聚类中心函数迭代更新，直到目标函数得到极值，算法收敛，从而完成聚类分割。

2.4 本章小结

本章首先介绍了模糊理论及其集合概念，然后重点介绍了一下模糊C均值算法理论及其在图像分割中的算法步骤，并展示了模糊C均值原理的推导过程。最后介绍了因模糊C均值在实际应用不足而衍生出的一些改进的模糊聚类算法，此类算法从不同的角度出发完善改进模糊C均值算法，但每类算法依然存在着一些不足与缺陷，仍需进一步的研究与探索。

**第3章 结合核函数改进的空间模糊聚类**

在图像分割过程中，空间信息与邻域像素有很强的关联性。经典的FCM图像分割算法没有考虑到空间信息，图像噪声和人为因素会影响模糊聚类算法的实验结果。目前研究者将邻域均值信息和邻域中值信息作为惩罚项引入到FCM算法的目标函数中对抗图像噪声干扰，但此类算法存在计算量过大、参数调整困难、对簇状结构数据分割不精准等缺点。KFCM算法将图像样本空间内的元素通过核函数映射到高维的特征向量空间，提高了图像分割精准度，但未考虑到图像邻域信息，对噪声较为敏感。本章利用MR图像的正态分布特性提出正态分布的空间信息函数，并将改空间信息函数与KFCM算法相结合，有效的解决了传统模糊聚类分割图像时存在的问题。

3.1 结合核函数改进的空间模糊聚类（KSFCM）

在图像数据集中，根据2.3.3章节介绍可知，基于KFCM定义KSFCM的目标函数为：

 （3-1）

其中，为加权指数，其作用是衡量分割结果的模糊度。表示第类的聚类中心点，隶属度函数表示体素属于类的程度，为隶属度矩阵，表示体素隶属于第类的程度，且满足

 （3-2）

对式(3-1)和其约束条件式（3-2）使用拉格朗日乘数法求解：

 （3-3）

式(2-7)拉格朗日方程最优化的一阶必要条件为：

 （3-4）

 （3-5）

由式（2-9）得：

 （3-6）

将式（3-6）代入式（3-2）得：

 （3-7）

因而

 （3-8）

将上式代入（3-7）可得：

 （3-9）

因此，目标函数的隶属度函数为：

 （3-10）

同理，对求偏导可得：

 （3-11）

对式（3-12）有，移项得：

 （3-12）

FCM\_S1算法将均值邻域信息作为惩罚项加入目标函数中，认为的所有邻域像素点与自身的关联性都相同。但一般磁共振图像的像素分布服从钟形的正态分布，越靠近中心点，该样本点与中心点关联越大，否则关联越小。在邻域空间中，距离中心像素点越近的像素点与该像素关联越大，隶属于同一类的概率越高。

在计算隶属度值时，我们将"中心点"作为原点，其他邻域像素点按照其在正态曲线上的位置，分配权重。基于图像的正态分布特性，我们定义一种新的空间信息函数为：

 (3-13)

为以为原点时领域像素坐标，为标准差决定分布幅度。由式(3-13)中赋予邻域像素隶属度不同的权重并且累加，可知，在邻域空间中不同的像素点根据其与位置的不同所分配的权重也不相同，距离中心点越近，该点分配的权重越大。其中，表示以为中心的矩阵区域像素，当时，的隶属度矩阵如图1所示。

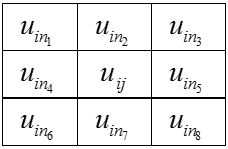


图1邻域矩阵

在不改变目标函数的基础上，对式（3-10）原隶属度函数，将空间信息函数与其融合，得到新的模糊隶属度函数，其表达式如式(3-14)所示：

 (3-14)

新的隶属度矩阵为，式中，用于控制两个函数对的贡献程度。当图像灰度比较均匀时，受空间邻域信息影响较小，可以适当降低值；当噪声较大、图像相对复杂时，取相对较大的值有利于图像分割结果。

基于提出的新算法进行DTI图像分割，其具体步骤为：

**步骤1** 对数据集初始化聚类中心和隶属度矩阵，设定和，设定迭代停止阈值，置迭代次数；

**步骤2** 使用文中定义的新的空间信息函数(式(3-13))更新隶属度矩阵，得到公式(3-14)。将代入公式(3-14)中计算隶属度矩阵；

**步骤3** 根据式(3-12)利用更新聚类中心矩阵；

**步骤4** 若，则算法停止，否则，重复步骤2、步骤3，并且置；

**步骤5** 根据隶属度函数矩阵对样本点进行聚类，对，表示第类，当，成立时就将样本点分到第类中；

3.2 结果仿真与分析

3.3.1实验背景描述

为了验证本文算法的分割效果，实验对比FCM、FCM\_S、FCM\_S1、FCM\_S2、KFCM、FLICM算法、以及本文结合核函数改进的空间模糊聚类（KSFCM）算法，对迭加了不同程度噪声的模拟脑部MR图像进行分割，以便于验证改进后算法的准确性和稳定性。所有的实验均是基于Matlab R2012a编程环境，在配置为Windows10操作系统，2.60 GHZ的CPU，8G内存的Intel(R) Core(TM)i7处理器的Lenovo PC上仿真实现。

本文从BrainWeb网站获取模拟脑部MR图像数据，该模拟脑部MR图像数据库是目前学者较为常用的数据库，可以用来验证图像分割的金标准。每组数据集的像素大小为181\*217\*181，层厚为1mm，T1加权。本文数据设定的分割类别为白质、灰质、脑脊液和背景等4类，取序列中第85个层面图。

3.3.2图像分割评价标准

为了定量的评价算法的聚类结果，本文采用分割系数()和分割熵()给出两个评价指标：

分割系数才：

 (3-15)

分割熵：

 (3-16)

其中，N为样本总量，c表示类别数，为模糊聚类中的隶属度函数。对于模糊聚类的样本集，其样本应该是连续紧密的，且每个样本点都有唯一的分类。分割系数取值范围为，该指标值越大表明聚类效果越好，即值越接近1，聚类结果就越明确；值越接近，聚类结果就越模糊。为分割熵，该指标值越小表明聚类效果越好，当其达到最小值时聚类效果最佳。

此外，本文以手工分割结果作为标准对算法的分割结果进行评价，采用分割准确率 (Segmentation Accuracy，SA)，分割准确率定义为：

 (20)

3.3.3实验结果

为了验证本文提出的KSFCM算法对仿真脑部MR分割的准确性及其对噪声的抗干扰能力，实验一使用本文提出的KSFCM算法分别对迭加了3%、5%、7%、9%和原始的仿真脑部MR图像进行分割。其中，聚类数目*c=4，l=2*，空间函数中*，p=1，q=1*。分割结果见图3-1，图3-1(a)(b)分别仿真脑部MR图像及其硬分割标准的结果,3-1(c)为KSFCM算法分割结果。图3-1(d)(f)(h)(j)分别为迭加了3%、5%、7%、9%的模拟脑部MR图像，图3-1(e)(g)(i)(k)分别为KSFCM算法分割迭加了3%、5%、7%、9%的模拟脑部MR图像结果。由3-1(c)可以看出KSFCM算法对未添加噪声的脑部MR图像分割结果比较精准，细节部分保留较好，可以清晰的区分出灰质、白质以及脑脊液组织部位。图3-1(e)(g)(i)(k)可知，KSFCM分割含有噪声的图像时，对抗噪声等异常点的能力很强，各个组织间界线平滑明显。因此，本文提出的KSFCM算法在脑部MR图像分割过程中有较好的精准度以及抗噪性。

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| noise0原图 | | crisp85 | | noise0 | |
| (a)原图 | | (b)NNcut | | (c)原图分割结果 | |
| noise3 | noise3noise3 | | noise5 | | noise5 |
| (d)3%noise | (e)分割结果 | | (f)5%noise | | (g)分割结果 |
| noise7 | noise7 | | noise9 | | noise9 |
| (h)7%noise | (i)分割结果 | | (j)9%noise | | (k)分割结果 |

图3-1 KSFCM对仿真脑部MR的分割结果

实验二通过对比FCM及其改进算法对原始模拟脑部MR图像的分割结果，验证算法的分割精准度，图3-2(a)为原始模拟脑部MR图像，图3-2(b)-(h)分别为FCM、FCM\_S、FLICM、FCM\_S1、FCM\_S2、KFCM、以及KSFCM算法对图3-2(a)的分割结果。对比图3-1（b）硬分割标准的结果对比可知KSFCM和KFCM算法较其他算法对非球状的细节处理更精准。其中KSFCM比KFCM对组织边缘的细小区域划分更加准确。

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| noise0原图 | noise0 | noise0 | noise0 |
| (a)原图 | (b)FCM | (c)FCM\_S | (d) FLICM |
| noise0 | noise0 | noise0 | noise0 |
| (e)FCM\_S1 | (f)FCM\_S2 | (g)KFCM | (h)KSFCM |

图3-2 FCM及其改进算法对仿真脑部MR分割结果

为了验证KFCM算法抗噪声干扰的能力，实验三对比FCM及其改进算法对迭加9%噪声的模拟脑部MR图像进行分割结果。图3-3(a)为迭加了9%噪声的模拟脑部MR图像，图3-2(b)-(h)分别为FCM、FCM\_S、FLICM、FCM\_S1、FCM\_S2、KFCM、以及KSFCM算法对图3-3(a)的分割结果。由图3-3(b)和图3-3(g)可以看出，FCM算法和KFCM算法未考虑空间信息，噪声对分割结果干扰很大组织间边界不清晰，很难得到相应的组织区域。图3-3(c)(e)(f)可知FCM\_S、FCM\_S1、FCM\_S2算法可降低部分噪声干扰，大致划分出组织区域，但分割结果中噪点较多，边界不清晰，不能完全抵抗噪声影响。3-3(d)和图3-3(h)的FLICM算法和KSFCM算法的分割结果基本可以完全抑制噪声带来的干扰，组织间的边界平滑，界线清晰，无噪点干扰。

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
| noise9 | noise9 | noise9 | noise9 |
| (a)9%噪声 | (b)FCM | (c)FCM\_S | (d)FLICM |
| noise9 | noise9 | noise9 | noise9 |
| (e)FCM\_S1 | (f)FCM\_S2 | (g)KFCM | (h)KSFCM |

图3-3 FCM及其改进算法对添加9%噪声的仿真脑部MR分割结果

为定量分析评价算法分割的精准度，本文对迭加了不同噪声的第85层仿真脑部MR图像分割结果的分割系数、分割熵、分割准确率SA以及算法分割时间进行计算，表3-1，表3-2、表3-3和表3-4分别为FCM及其改进算法对图像分割的分割系数、分割熵、分割准确率和算法迭代时间。对应折线图分别为图3-4、图3-5、图3-6和图3-7，其横坐标均代表不同噪声强度的人脑MR图像，从左到右依次增加。图3-4纵坐标代表分割系数，图3-5纵坐标代表分割熵，图3-6纵坐标代表算法的迭代时间，图3-7纵坐标代表分割准确率。

根据表3-1和图3-4可知，KSFCM算法的值在对比算法中最高，且在噪声强度增大的情况下也保持稳定，FCM及其他改进算法分割系数都会随噪声强度的增加有一定程度降低；表3-2和图3-5表示，KSFCM算法的值在对比算法中最低，且随着噪声强度增加波动最小。因此，KSFCM是一个聚类效果较为良好稳定的聚类算法。表3-3和图3-6直观的展示了各个算法的分割准确率，由图表可得，在不同噪声强度下KSFCM算法的准确率均高于其它算法。在不存在噪声或者微小噪声干扰的情况下KSFCM算法SA值比KFCM算法略高一点，但随着噪声强度的增加，KFCM、FCM算法SA值急剧下降。图3-3可知FLICM算法具有较好的抗噪性，可以滤除噪声带来的突变点，但是在微小噪声情况下其分割准确率相比KSFCM算法不是很理想。且由表3-4可以看出FLICM算法迭代时间平均在3.4s，远远高于0.65s的KSFCM算法，算法效率较低。由图3-7可以看出KFCM算法迭代时间低于KSFCM算法，但KFCM算法抗噪性以及分割准确率上表现均为差与KSFCM。

表3-1 FCM及其改进算法的分割系数

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | 噪声强度 | | | | |
| vpc | 0 | 0.03 | 0.05 | 0.07 | 0.09 |
| FCM | 0.8375 | 0.8334 | 0.8320 | 0.8146 | 0.8032 |
| FCM\_S | 0.9099 | 0.9076 | 0.9030 | 0.8974 | 0.8901 |
| FCM\_S1 | 0.9118 | 0.9083 | 0.9019 | 0.8940 | 0.8843 |
| FCM\_S2 | 0.9332 | 0.9266 | 0.9157 | 0.9041 | 0.8923 |
| FLICM | 0.9120 | 0.9088 | 0.9032 | 0.8957 | 0.8863 |
| KFCM | 0.9324 | 0.9233 | 0.9094 | 0.8948 | 0.8839 |
| KSFCM | 0.9723 | 0.9726 | 0.9721 | 0.9718 | 0.9717 |

表3-2 FCM及其改进算法的分割熵

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | 噪声强度 | | | | |
| vpe | 0 | 0.03 | 0.05 | 0.07 | 0.09 |
| FCM | 0.1389 | 0.1413 | 0.1361 | 0.1555 | 0.1655 |
| FCM\_S | 0.0764 | 0.0786 | 0.0824 | 0.0872 | 0.0932 |
| FCM\_S1 | 0.0752 | 0.0784 | 0.0837 | 0.0902 | 0.0978 |
| FCM\_S2 | 0.0579 | 0.0638 | 0.0727 | 0.0821 | 0.0912 |
| FLICM | 0.0727 | 0.0758 | 0.0809 | 0.0874 | 0.0953 |
| KFCM | 0.0591 | 0.0665 | 0.0772 | 0.0882 | 0.0962 |
| KSFCM | 0.0197 | 0.0196 | 0.0199 | 0.0201 | 0.0202 |

表3-3 FCM及其改进算法的正确分割率

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | 噪声强度 | | | | |
| SA | 0 | 0.03 | 0.05 | 0.07 | 0.09 |
| FCM | 97.16% | 94.56% | 94.11% | 91.78% | 87.11% |
| FCM\_S | 96.38% | 95.80% | 95.25% | 94.39% | 92.84% |
| FCM\_S1 | 95.24% | 94.90% | 94.04% | 93.55% | 92.07% |
| FCM\_S2 | 97.04% | 96.42% | 95.51% | 94.60% | 92.88% |
| FLICM | 94.42% | 94.32% | 93.93% | 93.77% | 93.37% |
| KFCM | 97.69% | 96.54% | 94.63% | 92.08% | 87.04% |
| KSFCM | 97.75% | 96.62% | 95.55% | 94.79% | 93.58% |

表3-4 FCM及其改进算法的迭代时间

|  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- |
|  | 噪声强度 | | | | |
| 时间/s | 0 | 0.03 | 0.05 | 0.07 | 0.09 |
| FCM | 0.6103 | 0.6800 | 0.6773 | 0.9384 | 1.0861 |
| FCM\_S | 1.7712 | 1.7548 | 1.8375 | 1.7924 | 1.8024 |
| FCM\_S1 | 1.0745 | 1.1444 | 1.1326 | 1.1290 | 1.1621 |
| FCM\_S2 | 0.6313 | 0.7631 | 0.6732 | 0.7709 | 1.0006 |
| FLICM | 2.9218 | 3.7436 | 3.8885 | 3.0590 | 3.8004 |
| KFCM | 0.2248 | 0.3880 | 0.4013 | 0.4194 | 0.6870 |
| KSFCM | 0.6123 | 0.6457 | 0.5304 | 0.5533 | 0.8672 |

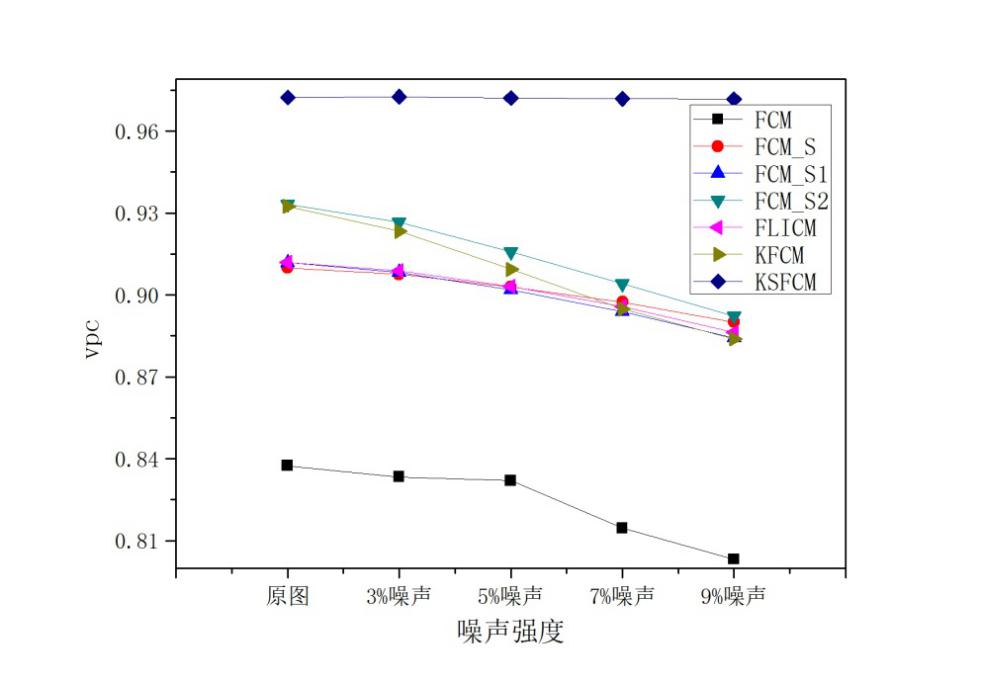


图3-4 FCM及其改进算法的分割系数

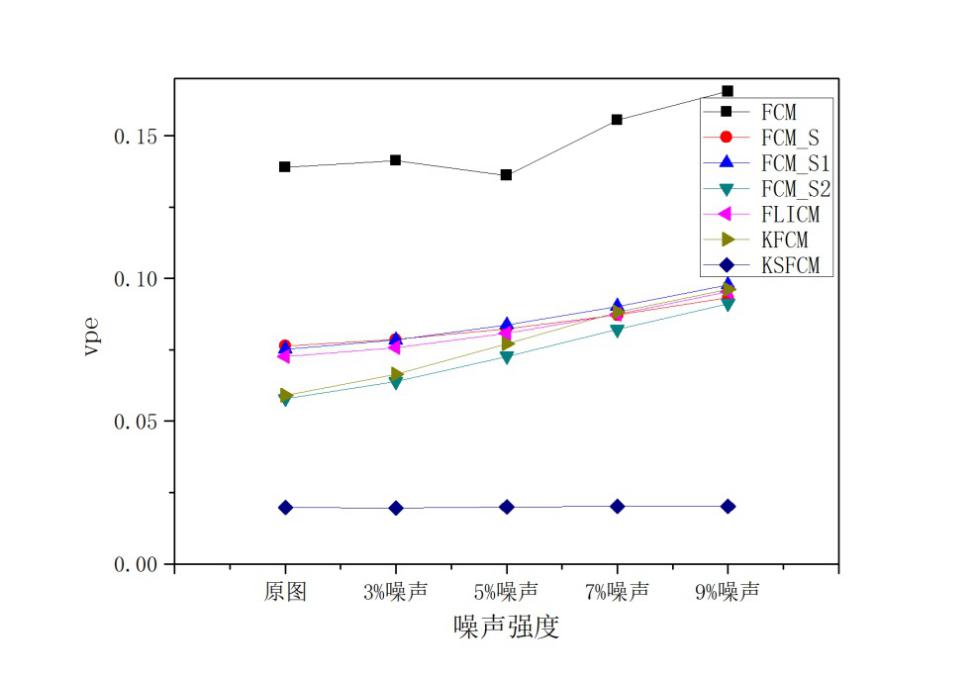


图3-5 FCM及其改进算法的分割熵

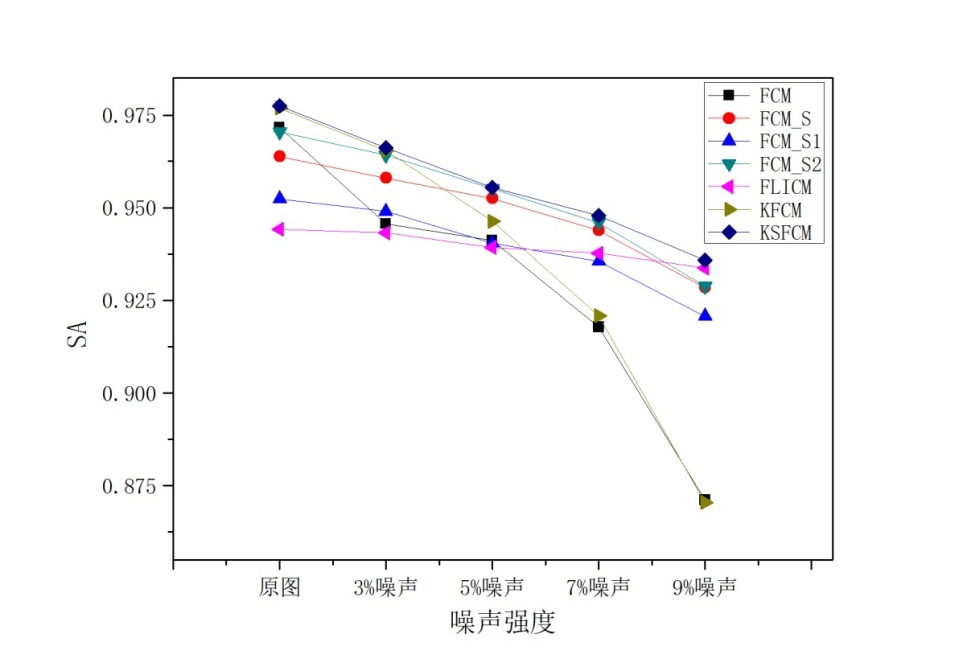
****

图3-6 FCM及其改进算法的正确分割率

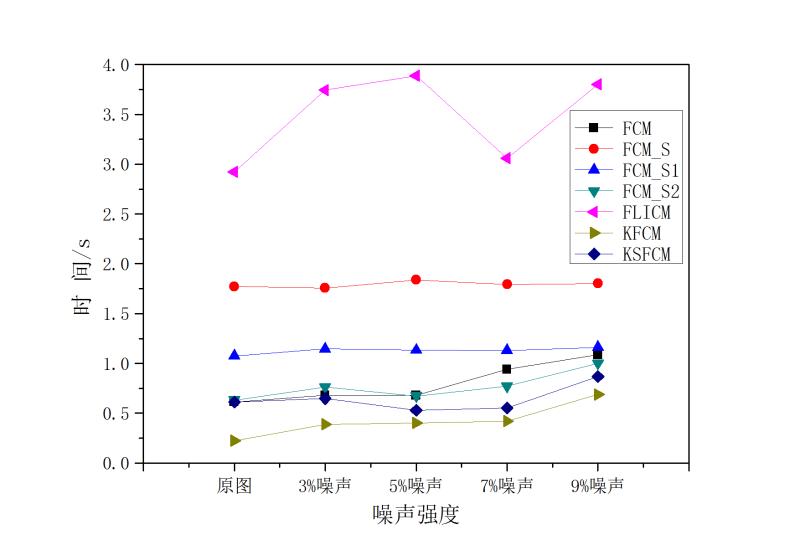


图3-7 FCM及其改进算法的迭代时间

综合评定指标及图像分割结果，本文提出的KFCM算法分割精准度、算法效率以及抗噪性均高于其他FCM算法，故本文算法更适用于人脑MR图像分割。

3.3 本章小结

本章针对模糊C均值分割方法存在的噪声敏感以及分割准确率较低等缺点，提出了一种新的结合核函数改进的空间模糊聚类人脑图像分割算法。本文提出的KSFCM算法分割人脑MR图像，该算法是基于核函数的算法，将图像样本空间内的元素通过核函数映射到高维的特征向量空间，提高了图像分割精准度；并且基于图像的正态分布特征提出一种新的空间信息与隶属度函数结合，合理的利用了图像的空间信息，有效的弥补了传统FCM算法对噪声敏感的不足。并且本文使用各种模糊聚类算法对脑MR图像做了大量的分割实验对比，实验结果表明本文算法不仅精准度具有优势，并且效率较其他FCM算法更高，综合考虑各方面指标，KFCM算法是一种稳健高效的图像分割算法。

**第4章 DT-MRI图像分割算法**

4.1 引言

弥散张量成像（diffusion tensor imaging, DTI）[41]技术是近年来提出的一种新的磁共振成像技术。分子的随机扩散运动轨迹即为弥散，由于分子间的运动过于细微，其他成像技术无法获取该信息。弥散加权磁共振成像(DT-MRI)技术于20世纪80年代被提出，该技术基于常规MR成像技术，在外加磁场下对水分子的运动模式进行梯度脉冲编码，在不同方向上获取加权成像，就可以得到每个体素间的扩散张量系数。之后，研究者们将全新的弥散张量成像技术运用到临床医学上。由于不同组织之间水分子的弥散程度不同，通过该技术可以清晰的显示脑组织中不同成分间的差别。并且，弥散张量成像技术是目前唯一的非入侵的方式显示活体生物组织中水分子纤维弥散的成像技术。该技术可以良好地辅助临床医学诊断脑功能疾病，目前已在临床中风、原发性老年痴呆症、脑缺血和精神分裂等脑部疾病的提前诊断中发挥了重要作用。DTI图像分割的精准度将直接影响后续三维重建，纤维追踪的效果，因此本文针对DTI图像的特点对其分割算法进行研究。

作为新兴的医学成像技术，目前，扩散张量成像的研究点主要集中在其成像方式以及临床医学应用领域。其图像分割算法的研究在国外也刚刚兴起，国内针对DTI图像分割算法的研究报告依旧很少。目前主要的分割算法是将较为成熟的标量图像分割算法应用到三维的DTI数据上，将DTI数据二维化处理后使用较为成熟的标量图像分割算法。但DTI数据较大，且包含更多的细节信息，上述方法往往不能得到较为精确的分割结果。本章所述的结合空间信息函数的核模糊聚类算法可以快速准确的选取初始值，并且有效的利用空间信息，即可以保留图像细节又可以有效地抑制噪声干扰，是一种较为良好的DTI图像分割算法。

4.2 DTI图像分割原理

4.2.1 DTI图像成像原理

弥散张量成像的基础是弥散磁共振技术，DTI数据一般采取二维回波平面成像(如图4-1)方法得到。回波平面成像（Echo Planar Imaging,EPI）具有扫描时间短，信噪比高的优势，在成像时间上可以很好的满足弥散张量成像所要求的至少7个梯度方向成像的要求。通过在EPI在90度选层脉冲后施加一个180度脉冲的方法，即可在回波信号上得到一个自旋回波包络。在自旋回波序列中，加入两个巨大对称的弥散梯度场，对回波信号进行采样采集，之后填充到*K*空间。K空间的傅立叶线数应该与回波数相同。由于梯度脉冲造成的水分子质子的自旋失相位可以增加图像中反映弥散程度信号的对比，进而可以对生物组织中影响水分子弥散运动的微细组织结构进行探究。

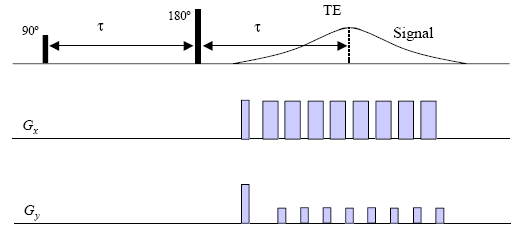


图4-1 脉冲序列和梯度

在具有相同弥散张量的介质中，水分子的随机扩散运动被称为布朗运动。当不存在外力干扰的但存在浓度差异的情况下，分子的布朗运动可由费克第一扩散定律表示[45]：

 （4-1）

*J*代表通过平面*A*（扩散面积）的净分子量，为扩散浓度梯度，表示扩散系数。

由于细胞膜的阻碍，生物组织中跨越细胞膜的扩散规律通常使用费克第二扩散定律来描述[45]：

 （4-2）

和分别代表两种介质的浓度，为扩散率。

回波信号受扩散衰减作用影响的信号由式(4-3)表示[46]：

 （4-3）

使用Stejskai-Tanner（S-T）方法可以便捷地测量出扩散对信号的衰减作用。

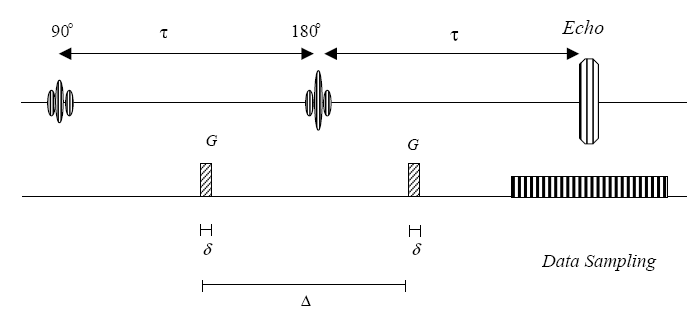


图4-2 Stejskai-Tanner 序列

S-T序列使用了中除射频激发脉冲外的两个双极梯度脉冲，脉冲强度均为，脉冲宽度用表示，脉冲间距离表示为。

在相同扩散张量溶质的扩散中，扩散加权信号如式（4-3）所示，因子如下式所示：

 （4-4）

代表旋磁比，其中氢核的旋磁比值为。

因子可以表示序列的扩散敏感性。对同一副图像采用两个弥散梯度来采集，才能定量地确定扩散系数。根据式(4-5)，将两次测量得到的两个不同因子（和）和两个不同信号（和）代入即可求出扩散系数。

 （4-5）

4.2.2 扩散张量的计算

各向同性与各向异性是水分子弥散的两种不同方式。各向同性是指生物组织中绝对均质的介质中，分子在不同方向的运动方式都相同的弥散方式，该方式的分子运动向量轨迹为球形；各向异性是指在不均匀的介质中，分子简单运动相互制约，在不同方向的弥散程度不同，该方式的分子运动向量轨迹为椭圆形。为了描述分子沿每个方向的运动和在这些方向间的相关性，在各向异性情况下，使用单一的标量系数无法描述扩散效应，则需要引入一个扩散异性张量：

 （4-6）

正定对称矩阵*D*中的6个独立元素可由扩散加权图像计算获得，扩散加权图像表达式如下：

 (4-7)

其中，为未加权弥散梯度脉冲的图像，是扩散张量的矩阵元素，代表b矩阵的元素，其表达式为：

 （4-8）

其中，b为之前定义的b因子，梯度方向的空间单位向量在第*i*和第*j*方向的投影用和来表示，即。

当不存在噪声干扰时，体素的扩散张量可以由未加权弥散梯度脉冲的图像和6个不共线加权梯度下的加权图像则求出，由式(4-7)所示：

 (4-9)

用最小二乘法解方程式(4-9)即可得到张量矩阵D。其中，元素，和分别表示沿,和方向的扩散系数；非对角元素,为扩散张量矩阵的元素，确定扩散张量必须要得到6个以上梯度方向的扩散加权图像。

对*D*对角化处理后可以得到：

 （4-10）

扩散张量在三维立体布局中可以直观化地表示为椭球体结构（如图4-3所示）。,,分别为*D*的三个特征值，而且，特征值平方根在椭球体中分别代表的三个轴的轴长。，，为对应的特征向量，在椭球体中表示三个轴的方向。



图4-3 扩散椭球

4.2.3 扩散各向异性量

在生物组织中，由于分子间运动的相互影响以及细胞膜等大分子结构的屏障，分子在不同方向运动的距离各不相等，即表现出各向异性扩散。各向异性扩散的程度会因不同组织结构排列的不同而产生变化，各向异性[48]测度这一概念可以量化地描述分子的空间位移程度。在临床应用中，通过对比患者与正常个体的扩散各项异性的量，可以清晰量化地找到病因，更加合理地进行治疗。将物理意义上得扩散各项异性转换到数学层面上，根据扩散张量的特征值与特征向量进行推导计算，即可得到一些扩散各向异性的表达量，常见的表述方式有：

1) 扩散张量的迹（Tr）

Tr使用扩散张量特征之和来表示，其物理意义是水分子弥散呈现出的椭球体的体积，其表达式为：

 （4-11）

2) 部分各向异性（FA）

FA的数学表达式是扩散张量的各向异性成分与整个扩散张量的比值，用来表示水分子弥散呈现出的椭球体的形状。

 （4-12）

其中



3）线性因素（*CL*）

 （4-13）

4) 平面因数（*CP*）

 （4-14）

5) 球形因数（*CS*）

 （4-15）

其中，。即可以使用CL、CP、CS这三个量来构建扩散张量的重心空间，其中，CL、CP的各向异性值相对较高，各向异性的形状可以由其相对值来获得。

6) 相对各向异性（RA）

 （4-16）

相对于适合各项异性值较高的FA，RA则更适用于各向异性值较低的情况。

7) 其他参数

 （4-17）

 （4-18）

 （4-19）

 （4-20）

 （4-21）

4.2.4 数据处理流程

扩散张量各个分量的计算及其二维可视化具体步骤如下：

步骤1：读取同一层相同区域的原始磁共振图像（）和6个迭加了不共线梯度脉冲的磁共振图像()。

步骤2：基于图像所加的7个不同方向的梯度脉冲单位向量构建b矩阵。

步骤3：依次循环计算每一体素的张量D，求得图像的张量场。

步骤4：基于张量场的基础推导得出特征值、特征向量以及其他参量，根据公式（4-11）-公式（4-21）可以求出所需的各向异性参量。

|  |  |  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- | --- | --- |
| I101(a) | S1 (b) | S2(c) | S3 (d) | S4(e) | S5 (f) | S6(g) |

图4-4 人脑扩散加权图像

根据扩散张量每个分量的计算具体步骤，基于图4-4的数据可以计算得到各向异性参量，如图4-5所示。

|  |  |  |
| --- | --- | --- |
| fa | RA | CL |
| (a)FA | (b)RA | (c)CL |
| CP | TR | CS |
| (d)CP | (e)TR | (f)CS |

图4-5各向异性参量

FA是根据扩散系数的不同来衡量组织的弥散特性，根据FA值可以较好的将灰质和白质区分开，因为白质束结构具有方向性，即水分子在组织内的平行轴方向的运动速度明显高于其横切轴方向的运动速度。从图4-5可以看出，FA图像具有较高的信噪比，观察大脑白质纤维结构最清楚。目前，部分各向异性指标在脑白质病变、肿瘤诊断等方向起到了举足轻重的作用。

4.3 基于密度峰值的模糊聚类DTI图像分割算法

由于DTI数据中含有生物体微细组织信息，因此该成像技术的临床优势远远高于普通磁共振成像，DTI图像的分割是DTI研究的基础。但由于不同组织间分界判断复杂，图像数据较为稀疏，在FCM算法中，最关键的步骤是模糊隶属度函数及聚类中心点的迭代过程，初始聚类中心点随机选取，而隶属度函数的迭代计算则是基于初始聚类中心，当随机选取时，同类的多个数据可能被视为不同类别的聚类中心，这种情况下聚类将会陷入局部极值，影响分割结果，并且函数收敛较慢。一般的图像分割算法仅通过距离来判断聚类中心初始值，容易造成过分割的问题，本文针对DTI数据存在的特点，基于第三章提出的KSFCM算法，首先结合密度峰值算法[49][50]选取初始聚类中心，既包含了距离因素又考虑到了类中心的密度因素，选取结果更准确，在分割图像时效果更精准，通过该方法选取精确的模糊聚类初始值，初始点更逼近正确的聚类中心，使目标函数快速收敛，算法迭代次数低，提升图像分割效率。

4.3.1 基于密度峰值的聚类中心算法选取

聚类分析作为数据挖掘的一个重要方法，已在图像处理、大数据等多个研究领域取得了一定的成就。为了提高聚类质量和效率，本文基于密度峰值算法进行聚类初始值的选取，可以克服FCM算法聚类中心随机选取的弊端。

聚类中心应该满足以下两个前提：(1)样本点本身密度大；(2)其它密度更大的数据点之间的距离相对更大。故密度峰值算法使用局部密度函数与中心距离函数结合的方式挑选初始类中心点，在图像分割过程中具体做法如下：

定义待聚类的数据集，其中，表示灰度图像像素点集*S*中对应像素点的灰度值。

**步骤1** 计算像素点与其他像素点的欧式距离：

 (4-22)

在灰度图像聚类过程中，样本点信息是一维的灰度值，此时欧氏距离的值即为图像像素点灰度差值，在计算过程中会进行求平方与开根号两次无意义的操作。因此，为减少计算量，本文引入曼哈顿距离代替欧式距离，公式（4-22）替换为

 (4-23)

由于DTI图像数据较大，算法要对每个像素点与所有其他像素点求距离，耗时较大。故在算法开始之前，本文对M=n\*m的图像数据样本，设置降采样系数为z的降采样处理来选取特征点。则即是在原图中每行每列每隔z个点取一个点组成一幅图像，本文选取z=4。降采样后的样本点个数为N个，即原样本点的倍。

**步骤2** 计算像素点的局部密度：

 (4-24)

由式(4-24)可以看出，与其他像素点的曼哈顿距离与局部密度成反比，即样本点与其他数据点距离越小越靠近数据集的中心，所以通过局部密度函数可以有效地挑选密度大的样本点。

**步骤3** 定义中心距离函数：

 (4-25)

其中表示样本点计算得到的局部密度值的一个降序排列的下标，使其满足。

中心距离函数作为选取中心的另一个指标，其目的在于挑选出同类中的局部密度最大值。由式(4-25)可知，当数据集中的样本点的局部密度值最大时，代表数据集中与距离最大的样本点与之间的距离，此时的值很大，可以将最大局部密度样本点突显出来，否则，表示所有局部密度大于的数据中与距离最小的那个数据点与之间的距离，目的在于，给同类中的密度次优样本点赋值很低，避免在同类中选取出多个类中心的问题。

**步骤4** 对数据集中的每一个样本点计算，由步骤2、3可知，同时具有较大和值的满足初始聚类中心条件，定义变量：

 (4-26)

局部密度指标在于选取密度较大值，距离函数给每类的密度最大值一个很大的权重，而给同类中密度次优样本点一个极小值。为和的相乘得到的结果，由式(4-26)计算结果，具有较大值的样本点满足初始聚类中心的条件。

4.3.2基于密度峰值的模糊聚类DTI图像分割算法

针对模糊C均值初始聚类中心随机选取与在图像分割过程中忽略空间信息造成的分割准确率、效率低，对噪声敏感问题，本文提出一种新的DTI图像分割算法(C-KSFCM)，该算法在对图像降采样后，首先使用曼哈顿聚类代替欧式距离，基与密度峰值算法选取初始聚类中心。其次，基于DTI图像的正态分布特性，我们定义一种新的空间信息函数与KFCM的隶属度函数融合，对DTI图像进行分割。该算法既可以解决FCM算法随机选取初始聚类中心导致的局部极值问题，又可以削弱噪声等中间形态对聚类结果的影响，减少聚类过程中的迭代次数，提升分割效率。

基于提出的新算法进行DTI图像分割，其具体步骤为：

**步骤1** 读入未加权DTI图像以及6个梯度方向的扩散加权图像；

**步骤2** 根据公式(4-12)及扩散加权图像计算DTI图像的FA参数图像；

**步骤3** 对图像数据集降采样得到数据集；

**步骤4** 计算数据集中样本点之间的曼哈顿距离并令(，)；

**步骤5** 确定截断距离，首先对共个数据进行升序排列，得到的排序结果为，的截断范围为数据点距离的前2%；

**步骤6** 根据公式(4-24)，计算局部密度值并用表示一个降序排列；

**步骤7** 根据公式(4-25)计算中心距离函数值，令，对降序排列，从前往后截取个数据点，作为聚类中心；

**步骤8** 对数据集初始化聚类中心和隶属度矩阵，设定和，设定迭代停止阈值，置迭代次数；

**步骤9** 使用文中定义的新的空间信息函数(公式(3-13))更新隶属度矩阵，得到公式(3-14)。将代入公式(3-14)中计算隶属度矩阵；

**步骤10** 根据式(8)利用更新聚类中心矩阵；

**步骤11** 若，则算法停止，否则，重复步骤8、步骤9，并且置；

**步骤12** 根据隶属度函数矩阵对样本点进行聚类，对，表示第类，当，成立时就将样本点分到第类中；

**步骤13** 输出分割结果。

4.3.3实验结果分析

为了验证本文算法的分割效果，实验对比传统KFCM、KSFCM算法以C-KSFCM算法，对如图(4-6)所示的人脑DTI图像的29层DTI数据及其各向异性图像，进行分割实验，用来验证改进后算法的准确性和稳定性。所有的实验均是基于Matlab R2012a编程环境，在配置为Windows10操作系统，2.60 GHZ的CPU，8G内存的Intel(R) Core(TM)i7处理器的Lenovo PC上仿真实现。

本文所使用由美国明尼苏达大学生物医学功能成像与神经工程实验室提供的人脑DTI数据。采集设备为德国西门子的3Tesla Trio核磁共振仪，轴向采集层数为58，体元大小为2mm2mm2mm，确定扩散张量的7个梯度方向的扩散加权图像的梯度脉冲的方向分别为：(0 0 0)、(0.707 0 0.707)、(0.707 0 0.707)、(0 0.707 0.707)、(0 0.707 0.707)、(0.707 0.707 0)、(0.707 0.707 0)。

|  |  |
| --- | --- |
| I101(a) | fa(b) |

图4-6 待分割数据. (a)DTI数据；(b)FA数据

实验一是用来评估KFCM、KSFCM与本文提出C-KSFCM算法对人脑DTI的分割结果，聚类数目，，空间函数中，，。图4-7为KFCM、KSFCM、C\_KSFCM算法对图4-6(a)，即第29层DTI数据的软聚类分割结果。其中，图4-7(a1)-(a4)为KFCM算法分割DTI数据的4个类别的结果，图4-7(b1)-(b4)为KSFCM算法分割DTI数据的4个类别的结果，图4-7(c1)-(c4)为C-KSFCM算法分割DTI数据的4个类别的结果。由实验结果可以看出，KSFCM算法未加入空间信息，分割结果边界不够清晰，体素归属不清晰，背景点与组织像素点划分不明显，分割结果不够理想，KSFCM结合图像特征加入正态分布空间信息后，体素划分较为清晰，但依然存在背景点错分的问题，如图4-7(b4)所示。C-KSFCM算法首先选定合理的初始聚类中心，不仅可以较为准确的划分聚类，并且可以减小迭代次数，提升算法效率。

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| KFCM | 3(a1) | (a2)2 | (a3)1 | (a4)4 |
| KSFCM | 3(b1) | 2(b2) | (b3) | 4(b4) |
| C-KSFCM | 3(c1) | 2(c2) | 1(c3) | 4 (c4) |

图4-7 DTI图像分割结果。

本文计算了分割系数，分割熵以及目标函数的迭代次数来定量的衡量上述三种算法的分割效果，结果如表4-1所示，C-KSFCM算法不仅在划分系数及划分熵上具有明显优势，且迭代次数较另外两种算法明显降低，故C-KSFCM是一种精准高效的DTI图像分割算法。

表4-1 人脑DTI分割聚类划分指标

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  |  |  | 目标函数  迭代次数 |
| KFCM | 0.8400 | 0.1381 | 64 |
| KSFCM | 0.9389 | 00475 | 53 |
| C-KSFCM | 0.9696 | 0.0219 | 29 |

实验二是用来评估KFCM、KSFCM与本文提出C-KSFCM对人脑FA参数图像的分割结果，聚类数目，，空间函数中，，。图4-8为KFCM、KSFCM、C\_KSFCM算法对图4-6(b)，即第29层DTI数据的FA参数软聚类分割结果。其中，图4-8(a1)-(a4)为KFCM算法分割DTI数据的4个类别的结果，图4-8(b1)-(b4)为KSFCM算法分割DTI数据的4个类别的结果，图4-8(c1)-(c4)为C-KSFCM算法分割DTI数据的4个类别的结果。结果如图4-8所示，原始大脑图像部分各项异性参数图像组织间的对比度较高，但是由于FA参数值会因组织不同而产生变化，故还存在边缘区域不同组织间的干扰。使用KFCM算法对FA图像进行聚类，分割结果比较粗糙，胼胝体内边缘轮廓分割出较多细小区域，无法准确地划分边缘。KSFCM算法可以大致分离出胼胝体轮廓，但纤维束弯曲走向所引起的水分子扩散系数变化较大，对于细节部位的分割不理想，本文算法可以有效地将同类区域聚类，分离开不同的类别，分割结果显示胼胝体轮廓清晰，目标区域与背景组织分离并且细节明显，可以较为理想的获取胼胝体信息。

|  |  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- | --- |
| KFCM | 1 (a1) | 2(a2) | 3(a3) | 4(a4) |
| KSFCM | 1(b1) | 2(b2) | 3(b3) | 4(b4) |
| C-KSFCM | 1(c1) | 2(c2) | 4(c3) | 3(c4) |

图4-8 FA图像分割结果

由表4-2定量可知C-KFCM在上较KFCM提升18.6%，较KSFCM提升5.5%，迭代次数较KSFCM和KFCM算法降低了55%，因此，C-KSFCM是一种高效精准的DTI图像分割算法。

表4-2 人脑DTI分割聚类划分指标

|  |  |  |  |
| --- | --- | --- | --- |
|  |  |  | 目标函数  迭代次数 |
| KFCM | 0.7944 | 0.1659 | 100 |
| KSFCM | 0.8930 | 0.0792 | 99 |
| C-KSFCM | 0.9422 | 0.0413 | 44 |

4.4本章小结

FCM算法是当下最为普遍使用的模糊聚类算法，但是传统的FCM对初始值十分敏感，初始值选取不当，迭代容易陷入局部极小点，难以获取全局最优解，并且DTI数据包含更多微细组织结构，随机选取初始值，目标函数收敛慢，算法效率低；此外，对于迭加了噪声的低信噪比人脑DTI，使用FCM分割时容易造成偏差。为解决此类问题，本章提出一种新的空间模糊聚类算法分割人脑DTI。首先，考虑距离和密度两个因素，选取合适的点作为初始聚类中心，可解决FCM聚类中存在的因聚类初始点随机选定而导致的局部极值问题，并且可以降低目标函数的迭代次数；其次，使用结合空间信息函数的核模糊聚类算法（SKFCM）算法，有效地削弱噪声等中间形态对聚类结果的影响，提高分割精准度。

本章首先介绍了DTI图像分割的背景、扩散张量成像的原理及其二维可视化过程，然后基于DTI数据的特点将密度峰值算法和KSFCM算法结合起来，提出C-KSFCM算法，高效精准的分割DTI数据。其中通过对数据进行降采样和曼哈顿距离替换欧式距离来减小计算量，提高运算效率。并且本文通过对DTI数据进行分割实验并定量分析，结果表明C-KSFCM算法在聚类划分指标上均表现最优，并且目标函数迭代次数明显降低，是一种切实可行的DTI分割算法。

**第5章 人脑纤维追踪及可视化**

DTI技术包含生物组织内详尽的微观分子信息，从而具有其他成像技术无法企及的临床优势。在DTI图像中，任意一个体素的信息以二维张量矩阵来表示。三维立体结构的DTI数据研究的重点之一在于高效准确地获取有效信息：追踪张量数据中的纤维束走向，将微观信息以另一种方式展现，对数据进行可视化处理。DTI的成像基础是水分子自由扩散的状态，在单位时间内水分子沿纤维束方向运动距离更大。通过计算体素的张量矩阵特征向量可以得到分子的扩散状态，即可获取脑组织的纤维束走向，然后对整个组织里体素的这一信息进行组合连接便实现了纤维追踪[51][52]。目前，在神经类疾病的临床治疗中，纤维追踪技术起到了较好地辅助作用。本章对目前较为主流的一些纤维追踪算法进行概括性的介绍，实现了DTI数据的纤维追踪并将其直观地显示出来。张量域算法作为当下最流行的纤维追踪算法，已在临床医学上得到了普遍地应用。

5.1 基于张量域的算法

体素点邻域范围内水分子弥散的状态是该纤维追踪算法的核心，在确定了初始值的情况下，对该样本点计算反映该处纤维束走向的最大特征向量，其次根据该体素的纤维行径方位移动一个单位长长度，到达下一个体素点，重复上述步骤，直到算法收敛。由于不能确定初始值的方位，在纤维追踪的过程中，在初值点行径的相反方向也需要进行检索追踪，把两个方向的结果结合起来便得到一条完整的纤维束。

初始值通常情况下手动选取，之后根据弥散方位寻找纤维束上的其他体素，纤维的踪迹可用式（5-1）表示。

 （5-1）

其中，代表当前体素，是追踪到的下一个点， 为行径的单位长度权重，代表体素点的扩散方向。使用该算法的追踪过程如图 5-1所示。

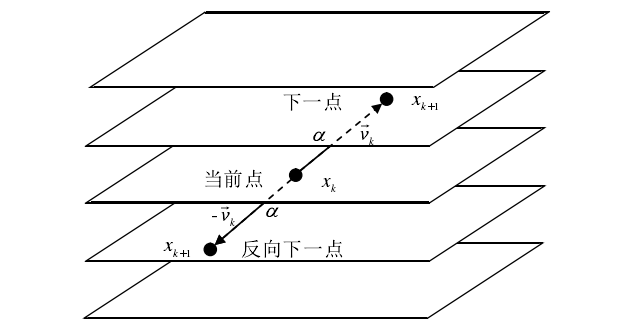


图5-1 基于张量域算法

使用张量域算法追踪纤维束的核心在于判断当前体素位置纤维的延伸方位，即式(5-1)中值的获取。对数据集中张量信息的提取越精准，建模出的纤维束接近纤维的真实走向。可以通过以下度量方式来判定纤维追踪是否结束，即收敛张量域算法：

1) 追踪的体素超过或者达到被测图像的边界时，停止追踪。

2) 设定满足纤维束扩散各向异性程度的范围，通常情况下，纤维束的弥散各向异性值在一定区间内，当相应值超过该范围时，算法认为该区域不存在纤维束，追踪停止。

3) 纤维走向普遍较为平缓，当相邻体素间的弥散方向夹角超出设定的范围时，判定两体素不在同一条纤维上，追踪结束。

基于张量域的算法原理清晰易懂，可实施性强，接下来介绍当下流行的三种张量于纤维追踪算法：流线追踪法、纤维连续跟踪法和张量线，并使用这三种算法实现纤维追踪。

5.2 流线跟踪法

流线跟踪法（Streamline Tracking，STT）[53]直接使用张量矩阵的最大特征向量方向作为该点纤维行径的状态，如（5-2）所示。

 （5-2）

式中，代表该点纤维束走向，表示当前体素的最大特征向量。

纤维束延伸方向的确定如图5-2所示。

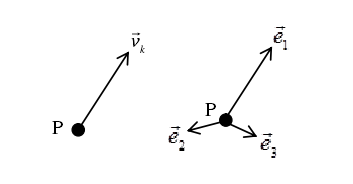


图5-2 流线跟踪法

使用该方法追踪纤维束的优势在于计算量低，算法简单，但也存在一些问题：

1) 在存在较高扩散各项异性值的区域内，使用体素张量矩阵的最大特征向量代替纤维束行径方向是较为准确的。但在组织结构中还存在一些区域弥散各项异性值很低，在这种情况下，该方法就会使追踪造成一定的误差甚至会产生错误的追踪结果。

2) 由于磁共振技术不可避免的部分容积效应，DTI样本的主要信息反映的是每一个体素在周围所有组织结构影响的情况下分子的运动状态。在不同组织的交界区域，同一个体素点会受到不同结构的干扰，体素张量矩阵的最大特征向量值只能反映当前点的水分子弥散程度，并不具有直接代替纤维束走向的能力。

5.3 纤维连续跟踪法

在流线型跟踪算法的基础上，Mori等人提出了纤维连续跟踪法(Fiber Assignment by Contitmous Tracking，FACT)[51]。该算法初始点的选取有所不同，通过手动选取一块感兴趣区域(Region of Interest，ROI)，并将该区域范围内所有体素点均看做初始值，对该范围内的所有样本点遍历追踪，将整个区域追踪到的纤维轨迹结合起来作为算法的初始值进行整个脑组织的纤维重建。使用该办法的优点在于在算法运行之前可以人为操控地将初始点确定在各向异性程度较高的区域，该区域纤维数量相对较多，密度大，将该区域选做ROI区域可以在更大概率层面上使种子点落在纤维束上，有效地解决了初始点挑选失误而造成最终建模的失败。

追踪过程与流线型跟踪算法类似，在我们选定的感兴趣区域内对每一个体素点计算其张量矩阵的最大特征值，将其对应的特征向量作为该点纤维的走向，沿着这一方向寻找下一个体素点，直到该体素点满足追踪停止条件，便结束该方向的探索。之后在同一初始点，沿着该点最大特征向量相反的反向进行反向探索，与上述过程相同，达到停止条件时，一条完整的纤维束便追踪完成。对整个感兴趣区域内体素点按照上述方法遍历的过程，即完成从该ROI开始的建模过程。

5.4 张量线跟踪法

水分子的弥散情况根据当前弥散各向异性值的大小而产生变化，当前各向异性程度较高时，体素张量矩阵的主特征值对应的特征向量即可代表当前纤维束的走向。在相反的情况下，仅最大特征向量不能准确地表示纤维的行径方向。为解决这一问题，张量线法(Tensor line)提出，在弥散各项异性强度较弱的情况下，充分结合邻域体素的张量信息，将上一步骤中的体素的弥散状态与当前的运动方向相结合，表达式如（5-4）所示。

 （5-4）

其中，*f*和*g*为不同的权重值，用来平衡邻域体素对当前体素点的影响因子，取值范围[0,1]。由式5-4中可知，当前点的纤维束走向是由使用该位置点的最大特征向量与上一体素的纤维束走向共同决定的，由于相邻的体素具有较为相似的特征值，在特殊情况下，充分结合前后位置的关系可以得到较为精准的结果。图 5-4 直观地表示了纤维束走向的求取细节。

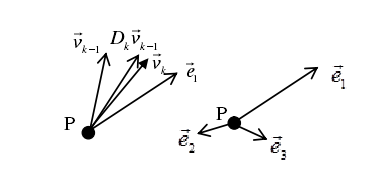


图5-4 张量线跟踪法

由式(5-4)可知，确定参数f和g的值是该算法的关键。f作为主特征向量的加权值，在各向异性值较高的区域中，最大特征值对应的特征向量很大程度上可以逼近纤维束的延伸方向，此时方向需要一个较大的权重来支撑，因此f需要取较大的值；反之，f取值较小。因此，f的值可以使用含有相同特性的部分各项异性值FA来表示。参数g的引入是用来调节当前位置与上一体素点的扩散状态关联，在相对较为均匀的介质中，纤维束的走向较为平缓，相邻体素基本保持同一扩散状态。根据该特点，各向同性参数CS值可以很好地代替1-g的值，CS的值与该区域的各项同性值成正比。

在纤维追踪研究领域，还存在许多限制其发展的干扰因素，通过DTI数据成功得到较为精确的纤维束模型并非易事：首先，由于磁共振技术的局限性，部分容积效应无法避免，因为图像的扫描方式以及机器的精准度，所得的到的图像数据分辨率普遍较低。因此在样本集的独立体素内较大概率地会包含多根较为纤细的神经束，在组织边界区域，单个体素还可能包含有不同组织的神经纤维， 原始数据集的好坏直接影响到后续的研究；其次，在推导过程中对每个体素点对应唯一的张量信息，最终结果只包含单个方向的纤维行径信息，实际情况与计算结果还存在一些出入，人脑纤维存在相交以及延伸分支的情况，特别在均匀溶质范围内，追踪误差相对较大；最后，采集到的数据是通过分层的形式来构建人脑信息的，属于离散数据集。但实际情况中脑纤维束是完整平滑连续的模拟值，根据分层扫描得到的图像追踪到的最终结果仅代表一个近似值，只能通过增加层数来减少相应的误差。

原数据的精准度、噪声的干扰以及脑组织的复杂度都直接影响着对人脑纤维束的建模结果。目前，磁共振成像技术的发展遇到了瓶颈，无法快速提升其成像性能，只能通过人为干预噪声影响的方式来保证获取较为精确的原始数据。因此，研究出一种鲁棒性较高的纤维追踪算法成为当下又一重要任务。接下来本章将使用经典的张量域纤维追踪算法实现人脑的纤维追踪及其可视化，量化地分析各个算法的优缺点，为此类算法的优化奠定基础。

5.5 实验结果及分析

本章基于第四章的人脑DTI数据进行纤维追踪实验，该数据的梯度脉冲的方向分别为：（0 0 0）、（0.707 0 0.707）、（-0.707 0 0.707）、（0 0.707 0.707）、（0 0.707 -0.707）、（0.707 0.707 0）、（-0.707 0.707 0），b=1000,轴向扫描层数为58，体元大小为2mm2mm2mm，TE=95ms，TR=8.7s。原DTI数据的重构以及纤维追踪结果的获取均使用Diffusion Toolkit软件来完成，之后利用TrackVis形成可视化的纤维束模型。白质作为人脑最重要的组织结构之一，其含有丰富的纤维束，起到信息传导与物质交换的重要作用，该结构大致为蝴蝶状。

图5-5为采用FACT、STT以及Tensor line算法对完整的人脑进行纤维追踪的建模结果。其中图5-5(a)、(c)、(e)分别为FACT、STT以及Tensor line在Y轴65层的人脑纤维束走向结果。图5-5(b)、(d)、(f)分别为FACT、STT以及Tensor line方法对大脑纤维叠加在FA图上的显示结果，通过这种方式可以更加直观地观察各项异性程度对脑纤维束走向的影响。由实验结果可以看出，FACT方法追踪纤维束比较稀疏，且纤维束普遍较短，不够完整； Tensor line方法追踪的纤维束较为完整清晰，但依然相对较为稀疏；STT算法可以准确完整的追踪到人脑纤维，由图5-5(c)(d)可以看出，使用STT算法追踪到的纤维束更加平滑、完整、密集，为后续的其他研究提供了更好的条件。

|  |  |
| --- | --- |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\FACT\全脑.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\FACT\fa全脑.JPG |
| (a)FACT纤维走向 | (b)FACT加FA底 |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\STT\Y-65.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\STT\Y_65+fa.JPG |
| (c)STT纤维走向 | (d)STT加FA底 |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\tensorline\Y-65.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\tensorline\Y+fa.JPG |
| (e)Tensor line纤维走向 | (f) Tensor line加FA底 |

图 5-5 全人脑纤维追踪示意图

为了更直观地分析这三种算法，图5-6从不同角度统计了三种算法追踪结果，其中，第一列统计了三种方法的纤维长度分布，第二列统计FA值分布；第一行为FACT算法评定指标的统计结果，追踪的体素点为135032个，纤维长度最短为1.1mm，最长为96.9038mm。能检测到体素的最小FA值为-0.0454642，最大FA值为0.982147。第二行为STT算法评定指标的统计结果，追踪的体素点为171707个，纤维长度最短为1.99998mm，最长为360.344mm。能检测到体素的最小FA值为-0.0706341，最大FA值为1.08444。第三行为Tensor line算法评定指标的统计结果，追踪的体素点为169269个，纤维长度最短为1.1mm，最长为256.879mm。能检测到体素的最小FA值为-0.0396187，最大FA值为0.976363。

由数据可知，STT算法追踪到的全脑纤维数量最多，且平均长度最长，部分各项异性值的适应范围更大，结果更加精准。

|  |  |
| --- | --- |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\FACT\length.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\FACT\fa.JPG |
| (a)FACT纤维长度 | (b)FACT FA参数大小 |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\STT\length.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\STT\fa_data.JPG |
| (c)STT纤维长度 | (d)STT FA参数大小 |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\tensorline\Y_length.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\tensorline\Y_fa.JPG |
| (e)Tensor line纤维长度 | (f) Tensorline FA参数大小 |

图 5-6 全脑纤维追踪统计结果

在研究过程中，ROI区域纤维束走向的研究更为重要。作为人脑白质结构中最大纤维束联合体的胼胝体区域，在相关疾病的研究中，该区域的研究至关重要。仅考虑X轴方向的纤维束可以比较容易获得到胼胝体区域纤维走向结果，图5-7绿色区域为手工标记的X方向第68层的胼胝体区域，本文对该组织区域进行纤维追踪。图5-8中第一列表示FACT、STT以及Tensor line三种算法在X方向第68层纤维束走向结果。图5-7绿色部分为标记的ROI区域，图5-8中第二列表示三种方法对该兴趣范围纤维追踪的结果。由图可知FACT算法追踪结果可以看出脑纤维的大致走向但纤维束短小稀疏，不够精确；Tensor line算法结果中纤维束较长，但长纤维束不够密集，STT算法对胼胝体区域纤维追踪，可以追踪到较为完整的纤维结构，纤维走向清晰，整体较为稳定。



图5-7 标记的感兴趣区域

|  |  |
| --- | --- |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\FACT\x-68.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\FACT\roi.JPG |
| (a)FACT X轴68层纤维追踪结果 | (b) FACT ROI区域纤维走向 |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\STT\x-68.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\STT\roi.JPG |
| (c)STT X轴68层纤维追踪结果 | (d)STT ROI区域纤维走向 |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\tensorline\x-68fa.JPG | E:\论文\毕业论文\纤维追踪\tensorline\x-68.JPG |
| (e)Tensorline X轴68层纤维追踪结果 | (f) Tensorline ROI区域纤维走向 |

图5-8 ROI区域纤维追踪结果

图5-9统计了三种算法在ROI区域内的纤维追踪情况，图5-9（a）展示了FACT方法的各项追踪指标，其中追踪的体素个数为326，适应FA的范围为0.102114-1.05919；图5-9（b）展示了STT方法的各项追踪指标，其中追踪的体素个数为406，适应FA的范围为0.0605961-1.05919；图5-9（c）展示了Tensor line方法的各项追踪指标，其中追踪的体素个数为362，适应FA的范围为0.17691-1.05919.

|  |
| --- |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\FACT\roi-fa.JPG |
| (a)FACT ROI区域统计结果 |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\tensorline\roil_data.JPG |
| (b)STT ROI区域统计结果 |
| E:\论文\毕业论文\纤维追踪\STT\roi_data.JPG |
| (c)Tensor line ROI区域统计结果 |

图5-9 ROI区域纤维追踪统计结果

使用三种基于张量域追的踪算法，在整体人脑和胼胝体的纤维追踪结果可以看出，STT方法建模获取的纤维数量较多，且单束纤维更加完整，在这三种流行的算法中，STT算法更能显示人脑纤维的细节，且对人脑主要的纤维追踪比较完整；Tensor line算法追踪的纤维束与流线跟踪法相差较小，但相对稀疏一些；FACT算法追踪到的纤维数量最少，平均纤维长度也最短，追踪结果不理想。

在目前的脑纤维研究主要针对纤维束丰富的白质区域，且白质组织是判断脑部病变的重要部位。该区域主特征向量可以较好的代替纤维束的行径方向，因此流线型跟踪算法在时间、空间上都占据了很大的优势。

5.6 本章小结

本章首先介绍了纤维追踪的背景意义，其次对主流的基于张量域纤维追踪算法原理做出了相应的概括，然后分别介绍目前较为流行的三种张量域纤维追踪算法，对其间的联系与区别做出了必要的说明。最后本章对比FACT、STT以及Tensor line方法追踪纤维束，对其结果进行展示、统计分析。通过对DTI图像纤维追踪并将其可视化后，使脑纤维束的形态、走向可以更直观的展示，对脑白质疾病的研究具有重要意义。

**第6章 总结与展望**

6.1全文总结

本文在模糊理论的基础上，对人脑MR图像的分割技术进行了较为深入的探究，并且对人脑DTI数据实现纤维追踪。文章首先说明了脑疾病的现状，指出了脑图像分割研究的必要性，概述了几种不同的磁共振成像技术，以及现阶段医学图像分割的发展现状。随后分析了图像分割存在的弊端，研究了基于模糊集的模糊 C均值对脑MR图像分割的重要价值。根据标准模糊 C 均值聚类算法应用在图像上所遇到的一些问题，针对性的对该算法进行完善。实验表明，本文提出的改进方法分割脑MR图像效果良好。最后实现了人脑的纤维束追踪。本文的主要研究工作归纳如下：

首先研究了经典模糊聚类算法，对其的形成演变及当下局势得到了一定的掌握，概括性地介绍当下较为流行的一些改进算法，并对这些算法的优缺点进行评估。

基于基础 FCM 算法进行研究，充分利用核函数以及空间信息，提出一种新的MR图像分割算法。本文提出的KSFCM算法分割人脑MR图像，该算法的基本思想是利用核函数，将低维数据转换到高维空间中，实现线性可分，提高了图像分割精准度；并且基于图像的正态分布特征提出一种新的空间函数，充分使用邻域信息，降低了算法的噪声敏感度。大量对比实验显示，KSFCM在算法精度以及效率方面均高于其他同类算法。

文章叙述了弥散张量的成像原理，根据张量矩阵的特征，实现扩散张量的二维可视化过程。然后基于DTI数据的特点将密度峰值算法和KSFCM算法结合起来，提出C-KSFCM算法，充分考虑体素之间的距离及密度因素，准确获取满足初始值条件的类中心点，避免了聚类过程因初始点随机选取陷入局部极值的误差，对DTI数据分割较为精准。并且在算法中通过对数据进行降采样和曼哈顿距离替换欧式距离来减小计算量，提高运算效率。

最后，总结介绍了时下普遍应用的一些脑纤维追踪算法，采用Diffusion Toolkit软件实现人脑DTI图像的纤维束追踪，利并且利用Trackvis工具直观地展示脑纤维模型，分别展现了目标区域与全脑的纤维束结果，定性定量的分析了三种算法在人脑纤维追踪的优缺点。

6.2展望

脑血管疾病是我国目前居民死亡的主要疾病，结合医疗辅助手段对该疾病的研究是目前的首要任务，磁共振成像技术的自身优势决定了其在临床医学领域的地位。脑磁共振成像技术领域今后的研究与发展方向可总结为以下几点：

脑MR图像最终的分割结果很大程度上取决于原始图像数据的质量，如何获取对比度较高、干扰因素较少的高质量图像是该领域研究人员需要重视的问题。

在脑MR图像的分割算法研究过程中，由于添加了空间邻域信息，虽然较其他分割算法效率有所提升，但会增加计算量，延长算法运行时间，还不太能够满足临床应用中的实时处理要求。后续研究需要从提升算法效率着手，在尽量保持精准度的同时提升算法效率，提升算法的鲁棒性。

在生物医学领域，研究者可以通过人体解剖获取大量较为精准的组织信息，通过将此类先验信息融入医学图像分割算法中，将有希望产生更好的分割结果。所以，合理的使用组织信息是优化分割算法的又一重要途径。

由于弥散张量成像的独特技术，体素点受到张量场的影响，在对脑DT-MRI图像的切片图像分割时，如何将弥散张量矩阵与图像像素点间的关系利用到图像分割过程中，应该作为今后研究的重点。

在纤维追踪领域，提高远数据的分辨率是首要关键。其次，目前的追踪算法主要利用主特征向量的方向来判断纤维的走向，DTI数据中包括大量的不同种类信息，如何提取其他有效信息也该研究领域的又一重点。最后，业界还没有纤维束的初始行径方向判定的金标准，建立完整的判定标准也是目前研究者们的奋斗目标。

**参考文献**

1. 丁红军, 邢克礼. 医学成像技术的进展[J]. 医疗卫生装备, 2006, 27(11):22-23.
2. Wang L, Chitiboi T, Meine H, et al. Principles and methods for automatic and semi-automatic tissue segmentation in MRI data.[J]. Magnetic Resonance Materials in Physics Biology & Medicine, 2016, 29(2):95-110.
3. Lenglet C, Rousson M, Deriche R. DTI segmentation by statistical surface evolution [J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2006, 25(6):685-700.
4. Tang Lihua, Wen Ying, Zhou Zhenyu, et al. Reduced field-of-view DTI segmentation of cervical spine tissue [J]. Magnetic Resonance Imaging, 2013, 31(9):1507-1514.
5. Barbieri S, Bauer MH, Klein J, et al. DTI segmentation via the combined analysis of connectivity maps and tensor distances [J]. Neuroimage, 2012, 60(2):1025-1035.
6. Vos S B, Jones D K, Viergever M A, et al. Partial volume effect as a hidden covariate in DTI analyses[J]. Neuroimage, 2011, 55(4):1566-76.
7. 李保权, 赵林, 李林芳,等. MRI弥散加权成像(DWI)诊断急性、亚急性脑梗塞及相关定量参数的应用[J]. 脑与神经疾病杂志, 2006, 14(3):210-212.
8. Hasan KM, Moeller FG, Narayana PA. DTI-based segmentation and quantification of human brain lateral ventricular CSF volumetry and mean diffusivity: validation, age, gender effects and biophysical implications [J]. Magnetic Resonance Imaging, 2014, 32(5):405-412.
9. 张相芬. DTI图像去噪方法研究[D].上海交通大学,2008.
10. Wang Z, Vemuri B C. An affine invariant tensor dissimilarity measure and its applications to tensor-valued image segmentation[C]// Computer Vision and Pattern Recognition, 2004. CVPR 2004. Proceedings of the 2004 IEEE Computer Society Conference on. IEEE, 2004:I-228-I-233 Vol.1.
11. Rohde G K, Barnett A S, Basser P J, et al. Comprehensive approach for correction of motion and distortion in diffusion-weighted MRI[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2004, 51(1):103.
12. Udupa J K, Leblanc V R, Zhuge Y, et al. A framework for evaluating image segmentation algorithms.[J]. Computerized Medical Imaging & Graphics the Official Journal of the Computerized Medical Imaging Society, 2006, 30(2):75.
13. Balafar M A, Ramli A R, Saripan M I, et al. Review of brain MRI image segmentation methods[J]. Artificial Intelligence Review, 2010, 33(3):261-274.
14. Bankman, Isaac N. Handbook of Medical Image Processing and Analysis (Second Edition)[M]// Handbook of medical image processing and analysis /. Elsevier, 2009:2750-2753.
15. Kang C C, Wang W J, Kang C H. Image segmentation with complicated background by using seeded region growing[J]. AEU - International Journal of Electronics and Communications, 2012, 66(9):767-771.
16. Gao Y, Mas J F, Kerle N, et al. Optimal region growing segmentation and its effect on classification accuracy[J]. International Journal of Remote Sensing, 2011, 32(13):3747-3763.
17. 丁海勇, 王雨轩, 毛宇琼,等. 基于动态阈值区域分裂合并算法的高分辨率遥感图像分割研究[J]. 测绘通报, 2016(8):145-146.
18. Muthukrishnan. R, Radha M. EDGE DETECTION TECHNIQUES FOR IMAGE SEGMENTATION[J]. International Journal of Computer Science & Information Technology, 2012, 3(6):250-254.
19. Sappa A D, Devy M. Fast range image segmentation by an edge detection strategy[C]// International Conference on 3-D Digital Imaging and Modeling, 2001. Proceedings. IEEE, 2001:292-299.
20. Krishnan K B, Ranga S P, Guptha N. A Survey on Different Edge Detection Techniques for Image Segmentation[J]. Indian Journal of Science & Technology, 2017, 10(4).
21. 马艳, 张治辉. 几种边缘检测算子的比较[J]. 工矿自动化, 2004(1):54-56.
22. 张爱华. 基于模糊聚类分析的图像分割技术研究[D]. 华中科技大学, 2004.
23. Kanungo T, Mount D M, Netanyahu N S, et al. An efficient k-means clustering algorithm: analysis and implementation[J]. IEEE Transactions on Pattern Analysis & Machine Intelligence, 2002, 24(7):881-892.
24. 骆剑承, 周成虎, 梁怡,等. 有限混合密度模型及遥感影像EM聚类算法[J]. 中国图象图形学报, 2002, 7(4):336-340.
25. Pal N R, Bezdek J C. On cluster validity for the fuzzy c-means model[J]. IEEE Transactions on Fuzzy Systems, 2002, 3(3):370-379.
26. Chuang K S, Tzeng H L, Chen S, et al. Fuzzy c-means clustering with spatial information for image segmentation.[C]// International Conference on Electrical Engineering. IEEE, 2009:9.
27. Ding Y, Fu X. Kernel-based fuzzy c-means clustering algorithm based on genetic algorithm[J]. Neurocomputing, 2016, 188:233-238.
28. 刘普寅, 吴孟达. 模糊理论及其应用[M]. 国防科技大学出版社, 1998.
29. Zadeh LA. Fuzzy sets[J].Information Control,1965(8):338-353.
30. 谢季坚. 模糊数学方法及其应用(第四版)[M]. 华中科技大学出版社, 2013.
31. 颜刚. 基于模糊马尔可夫场的图像分割算法研究[D]. 第一军医大学, 2005.
32. 郭海刚, 李洪兴, 胡凯. 一类变论域自适应模糊控制器[J]. 模糊系统与数学, 2011, 25(6):32-42.
33. Shen Y, Pedrycz W. Collaborative fuzzy clustering algorithm: Some refinements[J]. International Journal of Approximate Reasoning, 2017, 86.
34. Al-Taie A, Hahn H K, Linsen L. Improved Bias-corrected Fuzzy C-means Segmentation of Brain MRI Data[J]. European Journal of Anaesthesiology, 2014, 31(3):65-84.
35. Liu J, Lu X, Li Y, et al. A new method based on Dempster–Shafer theory and fuzzy c-means for brain MRI segmentation[J]. Measurement Science & Technology, 2015, 26(10).
36. Ahmed M N, Yamany S M, Mohamed N, et al. A modified fuzzy C-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data.[J]. IEEE Transactions on Medical Imaging, 2002, 21(3):193-199.
37. Chen S, Zhang D. Robust image segmentation using FCM with spatial constraints based on new kernel-induced distance measure[J]. IEEE Transactions on Systems Man & Cybernetics Part B Cybernetics A Publication of the IEEE Systems Man & Cybernetics Society, 2004, 34(4):1907-1916.
38. Krinidis S, Chatzis V. A robust fuzzy local information C-means clustering algorithm[M]. IEEE Press, 2010.
39. Girolami M. Mercer kernel-based clustering in feature space.[J]. IEEE Transactions on Neural Networks, 2002, 13(3):780-4.
40. Zhang D Q, Chen S, Pan Z S, et al. Kernel-based fuzzy clustering incorporating spatial constraints for image segmentation[C]// International Conference on Machine Learning and Cybernetics. IEEE, 2003:2189-2192 Vol.4.
41. 张相芬. DTI图像去噪方法研究[D]. 上海交通大学, 2008.
42. Ji Zexuan, Xia Yong, Chen Qiang, et al. Fuzzy c-means clustering with weighted image patch for image segmentation [J]. Applied soft computing, 2012, 12(6): 1659-1667.
43. Vamvakas A, Tsougos I, Arikidis N, et al. Local curvature analysis for differentiating Glioblastoma multiforme from solitary metastasis [C]//Imaging Systems and Techniques (IST), 2016 IEEE International Conference on. IEEE, 2016: 177-182.
44. He Lianghua, Wen Ying, Wan, Meng, Liu Shuang, Multi-channel features based automated segmentation of diffusion tensor imaging using an improved FCM with spatial constraints, Neurocomputing, 2014.01.01,137: 104~117.
45. 俎栋林.核磁共振成像学[M].北京：高等教育出版社，2004：231-289.
46. Basser P J, Pajevic S, Pierpaoli C, et al. In vivo fiber tractography using DT-MRI data.[J]. Magnetic Resonance in Medicine, 2000, 44(4):625.
47. 田捷,包尚联,周明全.医学影像处理与分析[M].北京：电子工业出版社，2003，172-174.
48. Skare S, Li T Q, Nordell B, et al. Noise considerations in the determination of diffusion tensor anisotropy.[J]. Magnetic Resonance Imaging, 2000, 18(6):659.
49. Rodriguez A, Laio A. Machine learning. Clustering by fast search and find of density peaks [J]. Science, 2014, 344(6191):1492-1496.
50. Wang Shuliang, Wang Dakui, Li Caoyuan, et al. Clustering by Fast Search and Find of Density Peaks with Data Field [J]. Chinese Journal of Electronics, 2016, 344(3):397-402.
51. Mori S, Crain B J, Chacko V P, et al. Three‐dimensional tracking of axonal projections in the brain by magnetic resonance imaging. Annals of neurology,1999, 45(2): 265-269.
52. Poupon C, Clark C A, Frouin V, et al. Regularization of diffusion-baseddirection maps for the tracking of brain white matter fascicles. Neuroimage,2000, 12(2): 184-195.
53. Lori N F, Akbudak E, Shimony J S, et al. Diffusion tensor fiber tracking ofhuman brain connectivity: aquisition methods, reliability analysis andbiological results. NMR in Biomedicine, 2002, 15(7-8): 494-515.
54. Lazar M, Weinstein D M, Tsuruda J S, et al. White matter tractography usingdiffusion tensor deflection. Human brain mapping, 2003, 18(4): 306-321.

**致谢**

三年光阴如白驹过隙，转眼间便到了说再见的时候了。衷心感谢我的导师张相芬副教授长期以来在学习和工作上无微不至的关怀。在我遇到挫折的时候，她耐心的安慰我鼓励我，告诉我要自信自强；在我遇到瓶颈时，她用专业的知识引导着我；在我浮躁不安的时候，她用严谨的态度影响着我。为人师，为人母，为人子，为人妻，张老师在工作、学术、生活各个方面都让我收益良多，给了我极大的帮助。她严谨的治学态度，一丝不苟的工作作风，独特的人格魅力都深深地激励着我。在此，我由衷的相对张老师说声谢谢！

同时，我还要感谢我的师兄林涛，他在课业以及生活上都给与了我极大的帮助，总是在我迷茫徘徊的时候帮我整理好情绪；感谢一起努力奋斗的裴仁超、房博文、杨杰、苏明哲、刘立峰、黄维、赵玉霞、毛丽婷同学的朝夕陪伴，因为有你们，在我不知所措的时候给我陪伴、安慰与鼓励，在研究生期间奋斗的日子才不会孤单失落，你们的热情与态度也深深影响着我。

最后，我也要特别感谢我的父亲、母亲和弟弟。感谢他们在背后对我的默默支持与理解，给我温暖与动力。

再次感谢所有给予我帮助的人！

**攻读学位期间取得的研究成果**

**论文：**

[1] 刘絮雨，张相芬，马燕，李传江，杨燕勤 基于改进空间模糊聚类的DTI图像分割算法，生物医学工程学报(待收录)

**专利：**

[1] 发明人：[张相芬](http://www2.soopat.com/Home/Result?SearchWord=FMR%3A(%E5%BC%A0%E7%9B%B8%E8%8A%AC)" \t "_blank)，[刘絮雨](http://www2.soopat.com/Home/Result?SearchWord=FMR%3A(%E5%88%98%E7%B5%AE%E9%9B%A8)" \t "_blank)，[房博文](http://www2.soopat.com/Home/Result?SearchWord=FMR%3A(%E6%88%BF%E5%8D%9A%E6%96%87)" \t "_blank)，[马燕](http://www2.soopat.com/Home/Result?SearchWord=FMR%3A(%E9%A9%AC%E7%87%95)" \t "_blank)，[李传江](http://www2.soopat.com/Home/Result?SearchWord=FMR%3A(%E6%9D%8E%E4%BC%A0%E6%B1%9F)" \t "_blank) 发明名称：一种人体动作识别方法 审中-实审 申请号：201611005454.3 公开号：106650619A

**参与项目**

[1] 2016年（第二十一届）上海师范大学学生科研项目

**获得奖励**

[1]“华为杯”第十三届全国研究生数学建模竞赛 二等奖

[2] 上海师范大学2016年度科研创新进步奖

论文独创性声明

本论文是我个人在导师指导下进行的研究工作及取得的研究成果。论文中除了特别加以标注和致谢的地方外，不包含其他人或机构已经发表或撰写过的研究成果。其他同志对本研究的启发和所做的贡献均已在论文中做了明确的声明并表示了谢意。

作者签名：日期：

论文使用授权声明

本人完全了解上海师范大学有关保留、使用学位论文的规定，即：学校有权保留送交论文的复印件，允许论文被查阅和借阅；学校可以公布论文的全部或部分内容，可以采用影印、缩印或其它手段保存论文。保密的论文在解密后遵守此规定。

作者签名：导师签名：日期：