



Access provided by:
Tianjin University of
Technology

Sign Out

所有



高级搜索

< 上一页 | 返回结果 | 下一个 >

会议 > 第26届国际... 第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...第26届国际...

临床3D MRI脑分割评估的比较研究

发行人: IEEE

引用这个

Cite This

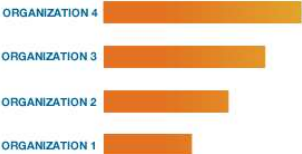
PDF格式

<< Results | < Previous | Next >

4 作者

婷歌; ED安吉利尼; BD孟什; 莱恩 所有作者

本文中提及的具有专利技术的顶级组织



9
纸
引文

286
充分
文字检视

Export

to
Collabratec

Alerts

Manage
Content
Alerts
Add to
Citation
Alerts

抽象

文件部分

Dowr
PDF

一世。 介绍

二。 方法

三, 结果

IV。 讨论

V。 结论

Abstract: Although numerous methods to segment brain MRI for extraction of white matter, gray matter and cerebrospinal fluid (CSF) have been proposed for the past two decades, litt... **View more**

Metadata

抽象:

尽管在过去的二十年中, 已经提出了许多将脑部MRI分割以提取白质, 灰质和脑脊液 (CSF) 的方法, 但是在实际临床数据集上评估和比较不同分割方法的性能方面所做的工作很少, 尤其是对于CSF。这项研究的重点是比较以下四种脑部MRI分割方法: 灰度阈值化, 三维水平集, 模糊连接性和FSL。与手动分割相比, 对10位成人受试者的数据库进行了分割精度的定量评估。

发表于: IEEE医学与生物学学会第26届年度国际会议

会议日期: 2004年9月1-5日

INSPEC登录号: 8246054

添加到IEEE Xplore的日期: 2005年3月14 日 DOI: 10.1109 / IEMBS.2004.1403504

发行人: IEEE

列印ISBN: 0-7803-8439-3

会议地点: 美国加利福尼亚州旧金山

作者

数据

参考文献

引文

关键词

指标

More Like This

第一节 介绍

临床脑MRI数据的分割是医学的基本目标。在神经成像的背景下，白色物质（WM），灰质（GM）和脑脊髓液（CSF）的3D分割对于定量分析（例如体积测量，形状表征和功能性大脑映射）至关重要。

大量的作者研究了这种分割问题的方法，该方法可以分为四类：简单阈值方法，可变形模型[1]，[2]，模糊连通性[3]和统计方法[4]，[5]。

自动分割临床MRI脑图像的主要困难在于，每个组织类别的体素强度不一定恒定，并且每个组织的直方图显示出很大的重叠。此外，临床数据中的噪声伪像会生成碎片化的分段结构，这在模拟MRI数据中未观察到。受试者间问题存在于临床病例中，但不存在于模拟数据中。最后，脑脊液分割结果很少与以前的工作进行比较。

在本文的上下文中，我们评估了四个分割框架，用于提取三种大脑组织：WM，GM和CSF。

第二节 方法

本研究评估了四种方法。本文未详细介绍这些方法，因此请读者参考适当的参考资料。

1) 简单阈值（方法A）：

这是最简单，最快的分割方法，通常在医学图像的预处理和预注册问题中采用[6]。为了优化此方法的性能，我们使用了手动标记的数据来掩盖MRI数据，计算三个组织的直方图，并得出将两个组织灰度等级分格分开的初始两个阈值。然后，我们使用Simplex方法[7]最小化分割误差。稳定性测量的标准最大化了谷本指数[8]。

2) 三维水平集（方法B）：

Chan和Vese [9]提出了一个基于均匀性的3D变形模型，该模型源自Mumford-Shah函数。在该框架中，假定图像由两个具有不同值的近似分段恒定强度的区域形成。给定图像内部的初始曲线，轮廓将变形以最小化与图像最佳划分为均匀区域的能量函数相对应的能量函数。通过水平设置方法有效地实现了能量函数a 1的最小化。在工作中，我们已在3D中实现了该方法，并将初始框架扩展为四个同类对象，同时使用[2]中所述的两个级别集功能。

3) 模糊连通性（方法C）：

方法C实现了基于模糊连通性的三维数字空间模糊对象分类[3]。在给定初始种子点集和先验统计信息的情况下，该方法可用于提取图像中的模糊对象。可以从美国国立医学图书馆洞察力细分和注册工具包（ITK）[10]获得源代码。为了优化构建模糊图所需的阈值，我们还使用方法A中讨论的单纯形方案。

4) 隐马尔可夫随机场模型和最大化消隐（HMRF-EM）（方法D）：

这种分割方法基于将图像统计分类为不同的灰度等级。该算法从对组织类别参数的初始估计和图像中的重新划分开始。

初始分割之后是三步期望最大化（EM）过程，该过程可以迭代地更新类标签，组织参数和偏差字段。在迭代过程中，使用马尔可夫随机场（MRF）最大后验（MAP）方法估计类标签。通过MAP近似来估计偏

差，通过最大似然（ML）来估计组织参数[4]。通过FMRIB软件库（FSL） [11]使用了这种分割方法。

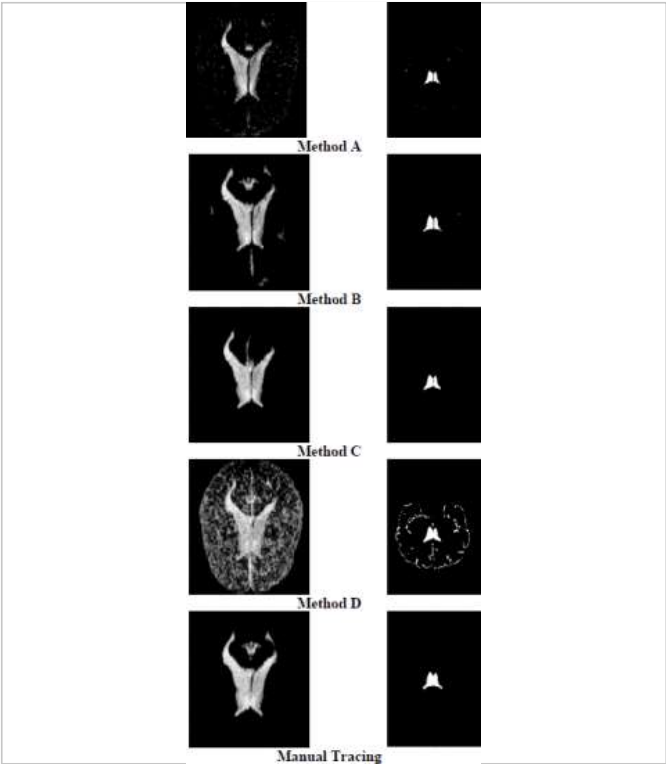


图1。 将CSF分割结果与手动标记的数据进行比较。第一列是CSF的3D视图，第二列是切片编号43的冠状视图。

第三节。 结果

A.数据和评估协议

我们将分割应用于从健康年轻志愿者那里获得的十个T1加权MRI数据集。MRI数据集的大小 $(256 \times 256 \times 173)$ 厚度为3mm，面内分辨率为0.86mm。这些数据集以前已经通过劳动密集型（每个大脑40个小时）的手动协议进行了标记。该标记的数据用作评估分割精度的基础。使用手动标记的数据集作为二进制掩码，对MRI数据进行预处理以去除所有非脑组织。由于皮层下结构会影响对皮层结构分割精度的整体评估，因此在分割过程之后也将它们排除在外。

为了公平和客观，评估协议被设计为独立于细分算法。计算每种方法中灰质，白质和CSF的体积，真阳性和假阳性体素分数以及Tanimoto Index（TI） [8]。进行方差分析（ANOVA）以评估不同方法之间的差异。对于每种方法，在图1中显示了在冠状视图中充满CSF的侧脑室的三维可视化。

体积评估

结果的可视化显示方法D（来自FSL的HMRF）与其他方法之间存在显著差异，将外边界体素归类为脑CSF与灰质。这种分类差异可以通过在两个组织之间的界面处的重要的局部体积效应来解释。先验信息和任意决策规则可以导致分割算法将这些接口体素分配给组织类型或其他组织类型。

如图2所示，针对每种组织类型执行了手动标记的数据与四种分割方法之间的体积测量的相关性。我们在这些图中观察到，在某些情况下，方法C对GM进行了过度分割。通常，方法A和方法B与手动标记的数据显示出高度相关性。

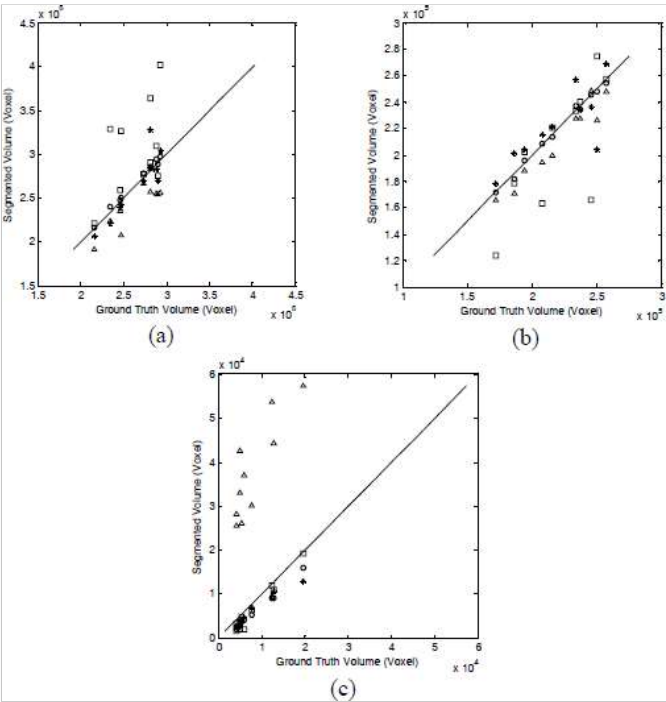


图2. (a) GM, (b) WM和 (c) CSF结构的体积测量值与分段体积和手动描述之间的关系。0是方法答： 方法 B；□是方法 C；△是方法D。

C.准确性评估

使用Udupa在[12]中提出的用于比较分割方法的最新方法来测量分割误差。通过将分割结果与手动地面真实情况进行比较，评估了通过提出的水平集分割方法获得的物体轮廓的准确性。通过计算真阳性（TP）和假阳性（FP）像素来测量两个轮廓之间的重叠和差异。这些数量以地面实况描绘的对象体积的体积分数（VF）形式报告。表I，表II，表III和表IV报告了三种临床病例分割的误差测量。

在表I中，百分比测量显示了GM和WM优化阈值方法的出色性能。基于更宽的灰度直方图，CSF的FN百分比要高得多，反映出该结构并且在该结构的细分下。表II中的水平集方法报告了更好的CSF分割结果，但仍属于分割问题。表III中报告的模糊连通性方法结果显示，CSF的分割问题不足，FP百分比高的WM的分割过度。最后，HMRF-EM分割方法的结果报告在表IV中。CSF的高FP百分比值对应于由于其他分割方法对与GM相关联的CSF / GM界面体素分类错误而导致的CSF过度分割。另一方面，这种方法的脑脊液TP百分比高于其他任何方法，这说明了心室已正确分割的事实。

表I：针对优化阈值方法的分段体素体积分数的分段精度。

	GM			WM			CSF		
	FN	FP	TP	FN	FP	TP	FN	FP	TP
1	5.8	7.2	94.2	6.5	6.3	93.5	40.7	11.6	59.3
2	5.1	6.5	94.9	6.6	6.6	93.4	37.6	10.5	62.4
3	4.8	6.4	95.2	6.3	5.1	93.7	53.4	22.4	46.6
4	6.3	6.6	93.7	5.9	6.6	94.1	53.8	14.1	46.2
5	4.0	5.7	96.0	6.0	4.8	94.0	66.0	12.6	34.0
6	5.1	6.4	94.9	6.1	5.4	93.9	48.4	18.2	51.6
7	5.4	6.1	94.6	5.5	5.9	94.5	45.6	14.0	54.4
8	5.7	7.9	94.3	6.9	5.9	93.1	25.5	6.7	74.5
9	4.2	6.6	95.8	6.9	4.7	93.1	64.6	25.3	35.4
10	7.2	6.8	92.8	6.9	8.1	93.1	71.7	37.2	28.3
μ	5.4	6.6	94.6	6.4	5.9	93.6	50.7	17.3	49.3

表II：水平集方法的细分精度以及细分体素的体积分数。

	GM			WM			CSF		
	FN	FP	TP	FN	FP	TP	FN	FP	TP
1	4.2	8.1	95.8	8.5	4.8	91.5	21.9	4.8	78.1
2	6.5	5.0	93.5	5.1	8.9	94.9	28.5	6.1	71.5
3	4.5	5.9	95.5	6.3	5.2	93.7	27.5	7.8	72.5
4	8.7	4.5	91.3	4.1	9.2	95.9	36.3	16.2	63.7
5	5.4	3.9	94.6	4.3	6.8	95.7	35.7	1.0	64.3
6	0.5	17.3	99.5	18.9	0.6	81.1	26.5	0.5	73.5
7	6.9	4.0	93.1	4.1	7.9	95.9	20.6	11.3	79.4
8	8.3	6.4	91.7	4.6	9.3	95.4	33.8	0.01	66.2
9	8.9	2.9	91.1	2.9	11.2	97.1	37.3	0.7	62.7
10	11.0	3.9	89.0	3.8	13.5	96.2	48.7	5.3	51.3
μ	6.5	6.2	93.5	6.3	7.7	93.7	31.7	5.4	68.3

表III：用于模糊连通性方法的分段体素的体积分数的分段精度。

	GM			WM			CSF		
	FN	FP	TP	FN	FP	TP	FN	FP	TP
1	8.1	45.6	91.9	33.2	0.7	66.8	17.3	3.2	82.7
2	10.7	43.0	89.3	28.8	0.6	71.2	19.1	16.2	80.9
3	7.7	36.9	92.3	6.7	7.9	93.3	67.4	1.8	32.6
4	9.2	11.4	90.8	5.8	9.9	94.2	37.9	9.7	62.1
5	7.7	9.3	92.3	6.1	8.4	93.9	70.1	7.5	29.9
6	12.0	15.5	88.0	3.8	13.6	96.2	25.3	14.3	74.7
7	11.5	16.7	88.5	22.3	1.1	77.7	27.1	10.5	72.9
8	7.4	14.9	92.6	7.5	7.8	92.5	9.1	7.5	90.9
9	8.4	48.6	91.6	9.4	5.3	90.6	33.7	10.5	66.3
10	16.6	11.5	83.4	8.9	8.5	91.1	68.9	9.0	31.1
μ	9.9	25.3	90.1	13.2	6.4	86.8	37.6	9.0	62.4

表IV：HMRF-EM方法的分割精度以及分割体素的体积分数。

	GM			WM			CSF		
	FN	FP	TP	FN	FP	TP	FN	FP	TP
1	20.2	7.6	79.8	9.0	10.2	91.0	3.8	251.7	96.2
2	24.1	8.3	75.9	12.0	8.6	88.0	2.7	335.1	97.3
3	17.8	9.2	82.2	10.8	6.7	89.2	9.6	538.1	90.4
4	20.6	9.3	79.4	10.3	7.0	89.7	9.0	571.4	91.0
5	12.6	10.2	87.4	12.6	5.0	87.4	18.5	536.3	81.5
6	12.1	12.7	87.9	14.0	4.4	86.0	11.9	396.2	88.1
7	14.8	10.2	85.2	11.9	5.7	88.1	8.7	302.0	91.3
8	21.6	10.4	78.4	11.7	8.2	88.3	2.5	194.4	97.5
9	16.0	11.3	84.0	14.0	5.9	86.0	13.7	600.9	86.3
10	21.6	9.3	78.4	11.1	8.5	88.9	19.9	777.6	80.1
μ	18.1	9.9	81.9	11.7	7.0	88.3	10.0	450.4	90.0

为了直接比较细分方法，我们对其性能的特征指标进行了方差分析（ANOVA）。本研究选择了谷本索引（TI）[8]。该索引是用于评估细分结果的定量参数，定义为：

$$TI = \frac{TP}{1 + FP} \tag{1}$$

[查看资料](#)

对这四种方法并在10个细分案例中进行方差分析，方法是将方法间方差除以TI指标的方法内方差。小p值（低于0.005）表明这两种方法之间存在显著的统计学差异[13]。每种方法的10种情况下TI指数的分布如图3所示。

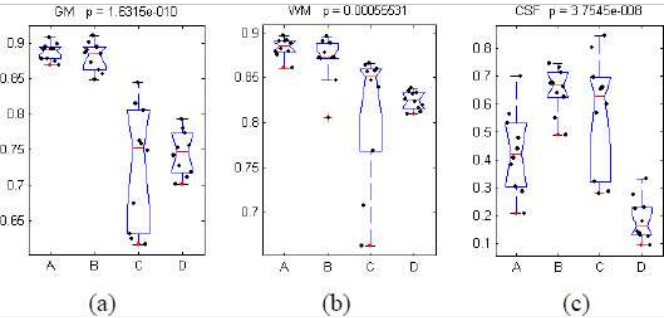


图3：针对10例临床病例的四种分割方法（A，B，C，D），（a）GM，（b）WM和（c）CSF的TI值分布。

基于对这些方法的比较，所有方法都报告了GM和WM的TI值较高，并且方法A和B的性能更高。另一方面，对于CSF结构的分割，方法B和C的TI值高于方法A和D，方法C的方差最大。

第四节
讨论

对于脑脊液，观察到更高的FNVF误差，这对应于脑室分割不足，其像素被分配给了白质。脑室边界处的分辨率很低可以部分解释此结果。Sulcal CSF向CSF引入了较高的FPVF，这对应于CSF的过度分割，其像素属于灰质。

另一方面，脑室和沟脑脊液的MRI数据标签也可能会出现一些错误，因为即使对于执行手动追踪的专家来说，其边界的定位也很困难。在这种情况下，Kikinis 等人。[14]报道了WM，GM和CSF的人工观察者的体积测量值的变化约为15％。

第五节
结论

这项研究的重点是临床脑T1加权MRI的不同分割方法的比较。所选的三种方法通常用于临床研究，尤其是用于评估CSF结构。我们的小组在[2]中首先针对该应用描述了基于多相三维水平集可变形模型的第二种方法。。我们通过评估10种临床病例的WM，GM和CSF分割量的准确性（与手动追踪相比），比较了分割方法。从数量的可视化和评估来看，方法A和方法B的误差很小，并且与手动跟踪的相关性很强。错误分类的百分比表明，在几种情况下，方法C倾向于过度分割GM结构，而方法D倾向于过度分割涵管CSF组织。综合所有结果，我们得出的结论是，与手动跟踪相比，水平集三维可变形模型在高分割精度和低性能差异之间的四种测试分割方法中提供了最佳折衷。

作者	▼
数据	▼
参考文献	▼
引文	▼
关键词	▼
指标	▼

IEEE个人帐户

更改用户名/密码

采购明细

付款方式

查看购买的文件

档案信息

通讯首选项

职业与教育

技术兴趣

需要帮忙?

美国和加拿大: +1 800 678 4333

全球: +1 732 981 0060

联系与支持

跟随



IEEE Account

- » [Change Username/Password](#)
- » [Update Address](#)

Purchase Details

- » [Payment Options](#)
- » [Order History](#)
- » [View Purchased Documents](#)

Profile Information

- » [Communications Preferences](#)
- » [Profession and Education](#)
- » [Technical Interests](#)

Need Help?

- » **US & Canada:** +1 800 678 4333
- » **Worldwide:** +1 732 981 0060
- » [Contact & Support](#)

[About IEEE Xplore](#) | [Contact Us](#) | [Help](#) | [Accessibility](#) | [Terms of Use](#) | [Nondiscrimination Policy](#) | [Sitemap](#) | [Privacy & Opting Out of Cookies](#)

A not-for-profit organization, IEEE is the world's largest technical professional organization dedicated to advancing technology for the benefit of humanity.
© Copyright 2020 IEEE - All rights reserved. Use of this web site signifies your agreement to the terms and conditions.