



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 >

Conferences > 2019 IEEE International Confe... 2019 IEEE国际会议...2019 IEEE国际会议...2019 IEEE国际会议...2019 IEEE国际会议...2019 IEEE国际会议...2019 IEEE国际会议...2019 IEEE国际会议...2019 IEEE国际会议...2019 IEEE国际会议...

高效的3D脑MRI图像嵌入功能，用于基于深度度量学习的基于内容的图像检索

发行人: IEEE

引用这个

Cite This

PDF格式

<< Results | < Previous | Next >

6 作者

翁雄 (Yuto Onga) ; 藤山慎吾; 荒井ato; 茶山佑介; 饭见仁; 大石宪一 所有作者

21
充分
文字检视

Export

to
Collabratec

Alerts

Manage
Content
Alerts
Add to
Citation
Alerts

更像这样

使用从AD患者和健康对照者的FDG和MRI图像获悉的Laplace特征图谱预测MCI到AD的转化

2017年第二届图像，视觉和计算国际会议 (ICIVC)

发布时间: 2017年

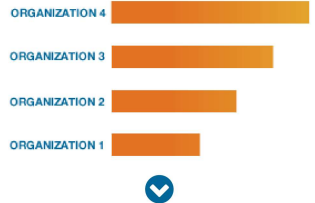
基于M / EEG的生物标记物预测MCI和阿尔茨海默氏病: 从ML角度回顾

IEEE生物医学工程学报

发布时间: 2019年

显示更多

本文中提及的具有专利技术的顶级组织



抽象

文件部分

一世. 介绍

二. 材料和预处理

三, DDCML: 建议的CBIR模型

IV. 实验Adn结果

V. 结果

显示完整轮廓

作者

数据

参考文献

关键词

指标

More Like This

Dowr
PDF

Abstract: Increasing numbers of MRI brain scans, improvements in image resolution, and advancements in MRI acquisition technology are causing significant increases in the demand fo... **View more**

Metadata

抽象:

MRI脑部扫描的数量不断增加，图像分辨率的提高以及MRI采集技术的进步，导致放射科医生在阅读和解释脑部MRI方面的需求显着增加，并给放射线学家的工作造成负担。基于内容的图像检索（CBIR）是一种新兴技术，可通过支持读取医学图像来减轻这种负担。高尺寸是开发适用于3D脑MRI的CBIR系统的主要挑战。在这项研究中，我们提出了一种名为“面向疾病的数据集中与度量学习（DDCML）”的系统。在DDCML中，我们将深度度量学习引入了3D卷积自动编码器（CAE）。我们提出的DDCML方案可实现高尺寸压缩率（4096: 1）同时保留对于医学图像分类很重要的与疾病相关的解剖特征。与普通3D-CAE相比，DDCML获得的低维表示将聚类性能提高了29.1%，从而将阿尔茨海默氏病患者与健康受试者区分开，并成功地再现了训练中未包括的疾病类别严重性的关系。

发表于: 2019 IEEE大数据国际会议（大数据）

会议日期: 2019年12月9-12日

INSPEC登录号: 19425865

Contents

第一节 介绍

大脑MRI提供有关体内大脑解剖结构和病理的信息,这对于神经系统疾病的诊断和治疗至关重要。随着扫描仪,扫描序列和参数的技术进步,MRI扫描仪的数量在全球范围内不断增加,并且在分辨率和对比度方面,图像质量也在不断提高。但是,大脑MRI采集的数量和质量的这些改善正在增加阅读和解释这些图像的放射科医生的负担。因此,非常需要图像读取支持系统以减轻放射科医生的负担并提高医学实践的质量。当前,大量的脑部MRI及其相应的临床信息被作为数字数据存储在图片存档和通信系统(PACS)中。PACS可以实现MRI的有效数据共享以及医师和患者之间的通信,从而提供为每个患者做出医疗决定所需的信息。PACS的作用的自然扩展将是通过医学实践收集的大数据用作资源,以支持对脑MRI的读取和决策。该系统将使人们能够从过去的医疗决策中学习,以最大程度地提高当前医疗保健的质量。基于内容的图像检索(CBIR)被认为是在医学实践中利用与存储在PACS中的大脑MRI相关的大数据的最有前途的技术之一。理想的CBIR将允许用户提交患者的大脑MRI,搜索存储在PACS服务器上的图像以及检索具有与所提交图像相似的病理特征的MRI。图.1显示了尚未实现的理想CBIR系统的概述。为了处理涉及的大数据,需要引入机器学习框架。但是,有几个问题阻碍了将机器学习应用于临床脑MRI的CBIR。主要问题之一是高维数。高分辨率3D解剖脑MRI成为评估神经退行性疾病(例如阿尔茨海默氏病(AD))的一种常见方式,并且每幅图像每次扫描通常包含超过一百万个像素。这种丰富的解剖学和病理学信息产生了一个被称为“维数诅咒”的问题。尝试将机器学习方法(例如聚类,回归和分类)应用于高维原始数据将失败,因为这会发生过度拟合。从而,必须减少用于CBIR的特征数量,同时保留对于医学图像分类非常重要的与疾病相关的病理特征。为了构建适用于脑部MRI的CBIR系统,已经做出了一些开创性的努力,包括诸如特定区域的视觉单词袋之类的方案。[1],KD树或KNN[2],[3],Gabor局部网格图[4]和奇异值分解(SVD)[5]。尽管这些技术已显示出有吸引力的结果,但它们的范围是有限的(例如,它们仅适用于有限类型的疾病[3],[4],或者由于将切片用作输入[1]而无法考虑深度信息[1],[2],[5]),因为它们基于传统的机器学习技术和手动特征工程。因此,这些技术不适用于处理存储在PACS中的图像,该图像可能包含具有不同病理特征的多种疾病。一种基于图集的脑MRI分解方法,其中从大约250个解剖结构获得的局部大脑体积或强度中提取了大脑的解剖和病理特征,当应用于神经退行性疾病(如原发性)时,在恢复方面表现出出色的性能进行性失语[6],[7],AD,亨廷顿病和脊髓小脑共济失调[7]。基于图集的方法的主要优点是在解剖学上有意义且高度有效的尺寸缩减,这使CBIR结果的生物学和病理学解释变得简单。但是,这种方法对其他神经系统疾病的推广性尚待研究。计算机视觉领域,特别是卷积神经网络(CNN)领域的最新进展,已实现了对学习阶段分类所必需的图像特征的全自动提取。已经提出了几种使用3D脑MRI图像的自动诊断技术来治疗阿尔茨海默氏症和相关疾病。这些都是基于CNN框架,已显示出合理的结果[8],[9]。我们之前已经提出了使用3D卷积自动编码器(3D-CAE)用于高分辨率3D脑MRI的降维技术,并且实现了高降维率,将大约500万维的输入压缩为仅150个维,同时保留了临床相关性神经放射学特征[10]。但是,这种方法的评估是基于对神经科医生进行的重建图像的定性观察。在后续实验中,我们将3D-CAE应用于CBIR,并意识到这种低维表示受正常解剖变异(如脑回旋模式)的影响,而不是与疾病相关的病理特征的影响。由于我们的临床CBIR系统的目标是基于病理相似性来搜索和检索脑MRI,因此我们需要修改3D-CAE方法,以专注于提取病理特征,同时忽略与疾病病理无关的脑特征。在本文中,我们介绍了度量学习以克服3D-CAE当前的局限性。度量学习的基本概念是具有相似属性的数据(即相同空间中的相同疾病)应在低维空间中彼此靠近。公制学习已在包括搜索技术在内的广泛应用中取得成功[11],[12]。宋等。证明了这种方法在聚类训练数据中未包

括的数据的能力 [12]。此功能在查找训练数据集中未包含的类似疾病的MRI时非常有利。Hoffer等。报道称，将具有注释数据的半监督学习应用于度量学习可提高分类结果的准确性 [13]。此功能对于医学图像分类非常重要，在医学图像分类中，带有专业注释的训练数据量有限。我们假设我们将度量学习引入3DCAE的新颖方法（称为疾病定向数据与度量学习（DDCML））在保留与疾病相关的病理特征的同时，提供了脑MRI的临床上有意义的低维表示。本文的主要贡献是为临床CBIR的3D脑MRI图像的低维表示提供一种实用的方法。通过仅使用来自AD和健康（认知正常，CN）患者的数据进行训练，提出的DDCML提供了一种低维表示形式，对于CBIR来说更可取，

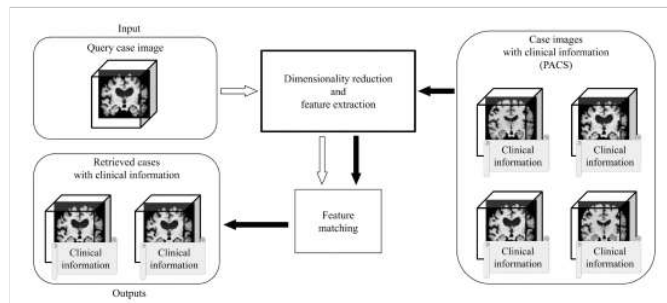


图. 1。
大脑图像中基于内容的图像检索系统的概述。在这项研究中，我们提出了一种新的降维技术，该技术被厚框包围。

第二节 材料和预处理

在本实验中，我们使用了阿尔茨海默氏病神经成像倡议2（ADNI2）数据集，该数据集的创建目的是早期发现，治疗和研究AD。每个图像包含 $256 \times 256 \times 170$ 像素并属于以下类别之一：AD，EMCI，LMCI或SMC患者和健康患者（CN）。AD是痴呆的主要类型之一。但是，SMC是记忆力减退的主观症状，在这种情况下未观察到痴呆的医学症状。从医学角度看，痴呆的进展可以表示为 $CN \rightarrow SMC \rightarrow \text{电磁兼容} \rightarrow LMCI \rightarrow \text{广告}$ 。我们使用MRICloud [14] 进行了颅骨切除和体积校正作为预处理阶段。每个生成的预处理图像的大小为 $181 \times 217 \times 180$ 像素。执行了额外的预处理步骤，以获得传递给我们的NN模型的最佳形状。根据先前的发现，进行了下采样，并且我们也删除了边距以获得最终输入大小为 $80 \times 96 \times 80$ 像素类似于分析3D大脑MRI图像的其他研究 [8]。MRICloud有时无法进行颅骨切除，我们通过医生的目测评估将这些病例排除在实验之外。我们的数据集中，针对AD，NC，EMCI，LMCI和SMC的图像最终数量分别为674、1121、147、280和33，总共生成了2555张图像。

第三节。 DDCML：建议的CBIR模型

我们提出的DDCML方法涉及强度归一化和使用带有度量学习的3D-CAE的有效尺寸缩减。

A. 强度归一化

MRI图像的亮度和对比度由放射技术人员或放射科医生在存储时确定。对于所使用的数据集，强度范围非常不同。我们的初步实验表明，这种差异会降低性能。因此，我们对每种情况下的大脑区域强度进行了标准化，以便每个图像均具有目标平均强度 μ 和宽容 ϵ ，使用迭代伽玛校正。算法。图1显示了此过程的详细信息。

B. 3D-CAE与度量学习

自动编码器是一种将高维输入数据映射到低维表示形式的技术。它具有由编码器和解码器组成的对称结构：前者对输入进行编码 $X \in \mathbb{R}^d$ 低维表示 $z \in \mathbb{R}^{\tilde{d}}$ ($d \gg \tilde{d}$) 而后者从 z 解码到输出 \hat{X} 与输入的维数相同。典型

的自动编码器由神经网络组成，并经过训练以具有相同的输入和输出。因此可以应用传统的反向传播算法，并且训练不需要外部训练信号。

算法1使平均图像强度 X 相近 μ 容忍 ϵ

而 $\|X - \mu\| \leq \epsilon$

$$\gamma \leftarrow \frac{\mu}{X}$$

$$x \leftarrow 255 \left(\frac{X}{255} \right)^{\left(\frac{1}{\gamma} \right)}$$

一会儿结束

编码器的功能可以正式表示为

$$\hat{z} = F(Wx + b), \quad (1)$$

[查看资料](#)

其中 W 和 b 是可学习的参数， f 是可训练的非线性函数。解码器执行编码器的逆映射

$$\hat{x} = \tilde{F}(\tilde{w}\hat{z} + \tilde{b}), \quad (2)$$

[查看资料](#)

哪里 \hat{x} 是输出，并且 \tilde{w} 、 \tilde{b} 和 \tilde{F} 像以前一样是解码器的可学习参数和功能。常见的自动编码器包括输入和输出之间的均方根误差（RMSE）作为损耗函数，

$$L_{\text{RMSE}}(W, b) = \frac{1}{d} \sum_{d=1}^d \|x_d - \hat{x}_d\|^2 \quad (3)$$

[查看资料](#)

结果，自动编码器在保持数据特性的同时获取了输入的低维表示。CAE合并了CNN机制，该机制在计算机视觉领域拥有良好的记录。3D-CAE是CAE的3D增强版本，适用于处理大量数据，因为它可以将大脑的MRI图像直接处理为3D图像，而不是连续的2D切片。

为了构建CBIR系统，低维特征空间中给定疾病的特征之间的距离应该很小。因此，我们将深度度量学习的思想引入了我们的3D-CAE；更具体地说，我们添加了约束以减少具有相同标签的要素之间的欧式距离，并增加具有不同标签的要素之间的距离。根据 [13]，我们计算输入数据 x 和每个类 x_i 的数据之间的嵌入相似度（ $i \in \{1, \dots, C\}$ ；低维特征空间中总共有 C 类）：

$$P(x; x_1, \dots, x_C) = \frac{\exp(-\|F(x) - f(x_i)\|^2)}{\sum_{j=1}^C \exp(-\|F(x) - f(x_j)\|^2)} \quad i \in \{1, \dots, C\} \quad (4)$$

[查看资料](#)

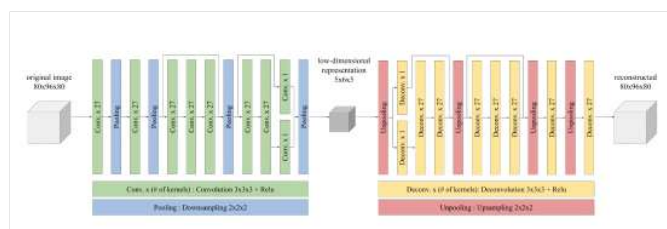


图2。
我们提出的CAE网络架构。

注意这里每个数据点 x_1, x_2, \dots, x_C 是从每个相关类中随机选择的。 $P(x; x_1, \dots, x_C)$ 表示数据点 x 归类为 i 类的概率。在此， f 表示编码器的操作。通过单次表示的交叉熵——即图2的“区别性损失” L_{Disc} 获得：

大量(低, x_1, \dots, x_C) = 高(我(X), $P((x_1, \dots, x_C))$)。

[查看资料](#) 

这种损失的目的是确保与来自不同类别的样本相比，属于同一类别的样本在低维特征空间中的映射关系更紧密。最后，将提出的3D-CAE方案的总损失函数定义为这两个损失标准的加权总和，其参数为 α ：

$$L = \text{Loss}_{\text{reconstruction}} + \alpha \text{Loss}_{\text{classification}}$$

[查看资料](#) 

在我们的实验中，我们使用了 $\alpha = 1$

第四节 实验Adn结果

A.3D-CAE体系结构

我们的实验中使用的3D-CAE架构如图2所示。我们的编码器由四个块组成：上两个块由卷积和池化层组成，下两个块由三个卷积层和一个池化层组成。残留旁路 [15]插入两个位置：第二个块的输出与第三个块的输出之间，以及第三个块的输出与第四个块的第三卷积层之间。所有卷积层的内核大小都固定为27，除了最里面的层（大小为1）之外，最里面的层是通过将先例5展平而获得的 $\times 6 \times$ 输出神经元。这就是 d_z 。在我们的设置中为150，尺寸压缩比为 $(80 \times 80 \times 96) : 150$ ，即4,096: 1。我们使用卷积和解池层将解码器设计为与编码器对称。为了进行比较，我们将此CAE体系结构用于基线（即普通3D-CAE）和我们提出的DDCML系统。

B.培训和评估

在我们的实验中，使用ADNI数据集的AD和CN案例进行训练，其余的LMCI，EMCI和SMC案例用于验证训练后的模型对于未知疾病是否有效。在这项研究中，使用五重交叉验证组对性能进行了评估，该交叉验证在患者数据中使用了不同的划分，分别分为训练和验证集。这是为了防止因将相似类型的数据分为训练和评估集而引起的偏差。我们从两个角度评估了我们提出的DDCML方案的能力。首先是对重建图像的定量测量，以确定在低维表示 z 中保留了多少信息。我们使用RMSE和SSIM评估了这些图像。第二个是我们的低维表示可用于CBIR任务。我们使用K-means算法将它们聚类，并测量了生成的聚类在AD和CN案例之间的划分程度。我们还调查了在我们的低维特征空间中未标记的LMCI，EMCI和SMC案例（即那些被排除在3D-CAE训练之外的案例）之间的数据分布。此外，我们使用t-SNE可视化了低维表示 [16]，即将我们的150个维度的数据进一步压缩为两个维度，并目视检查数据分布。

第五节 结果

表I给出了使用普通3D-CAE（即不使用度量学习）和DDCML方案，使用K-均值算法（ $K = 2$ ）获得的图像重建和聚类的性能比较。在每次搁置中，均使用10个不同的初始种子进行K均值聚类，表中的得分为平均值和标准差。

图3示出了使用（b）普通3D-CAE的重建脑图像的示例；（c）具有强度归一化的3D-CAE；（d）具有公制学习的3D-CAE；（e）DDCML（具有强度归一化和度量学习的3D-CAE）。

图4比较了用普通3D-CAE和所提出的方法获得的低维表示的分布

表I 模型性能比较

--

	RMSE(%)↓	SSIM ↑	clustering accuracy(%) ↑
plain CAE	7.27	0.967	52.4(±1.09)
plain CAE + I norm	7.36	0.966	55.2(±3.58)
DDCML	8.79	0.949	80.9(±2.38)
DDCML + I norm	8.51	0.953	81.5(±2.76)

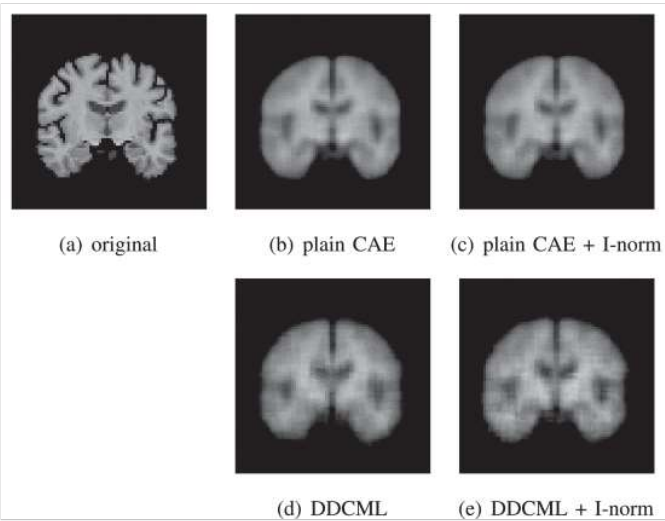


图3。
原始图像的切片 (a) ， 普通CAE的重建图像的切片 (b, c) ， DDCML的重建图像的切片 (d, e) 。

DDCML方案，使用t-SNE [16]。注意，在第III-A节中描述的强度归一化的存在 对该视觉结果没有显着影响，因此省略了此以节省空间。

图5显示了AD和CN案例，覆盖了培训中未包括的LMCI，EMCI和SMC数据的分布。在此注意， 图4和5仅显示了五折之一。

为了评估DDCML方案的有效性， 表II总结了低维特征空间中每个类的数据质心之间的距离，并在AD和CN之间建立了标准化的单位距离。

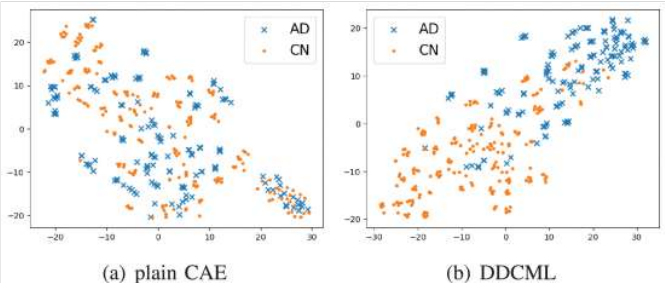


图4。
AD和CN的低维表示分布。

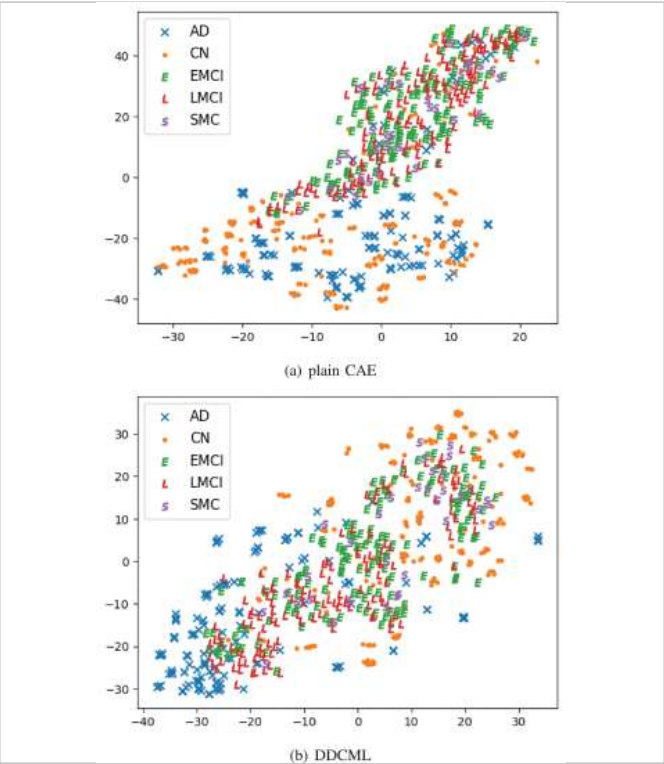


图5. 所有案例的低维表示分布。

表II 簇质心之间的距离

		DDCML				
		CN	SMC	EMCI	LMCI	AD
plain CAE	CN		0.311	0.453	0.655	1
	SMC	5.036		0.248	0.474	0.915
	EMCI	5.230	0.522		0.242	0.688
	LMCI	5.192	0.627	0.345		0.489
	AD	1	5.064	5.212	5.135	

右上角对角线中的数字是建议的DDCML方法中的距离，而其他数字则用于纯3D-CAE。

第六节
讨论区

表一显示，与[10]相同，纯3D-CAE方法在高度压缩的150维特征空间中展示了出色的图像重建性能。；但是，使用K均值的两类细分效果仅超过50％。这表明这两个类别在低维表示中没有很好地分开，因此将它们直接应用于CBIR效果不佳。引入度量学习可以显着提高聚类性能，并且是实现CBIR的关键要素，而强度归一化可以缓解度量学习导致的图像重建能力的轻微下降。最后，与传统的3D-CAE（+ 29.1％）相比，DDCML所获得的功能显着提高了聚类性能，从而最大程度地降低了图像重建性能的降低（即RMSE中为1.24％，SSIM中为0.017），如图2所示。3。从图4，我们可以看到，普通的3D-CAE方法与我们提出的方案之间，所获取特征的分布存在很大差异。在前者中，数据的分发与疾病无关，而在后者方案中，则在一定程度上根据疾病分发数据。该结果是通过进一步压缩以进行可视化而获得的，因此我们不能仅以此为结论，但是建议的DDCML似乎提供了适用于CBIR的低维表示形式。在图5中，尽管仅使用了AD和CN进行训练，但根据建议的DDCML方案的严重程度，所有情况（AD，LMCI，EMCI，SMC和CN）在低维表示中的分布似乎都近似分布疾病类别。特别是，SMC只是记忆力减退的主观症状，未观察到阿尔茨海默氏症。由于这些分布在CN结果附近，因此使用度量学习压缩的低维表示形式被认为适合CBIR。表二表明，DDCML成功地根据疾病类别的严重性（CN≡SMC）再现了这种关系。≤ 电磁兼容 ≤ LMCI ≤ AD），即使培训中未包括三个中间案例。此属性对于实现CBIR很重要。

第七节
结论

为了实现用于3D脑MRI图像的实用CBIR系统，我们提出了一种方案，该方案称为“面向疾病的数据集中度学习（DDCML）”框架。DDCML由两个关键元素组成，强度归一化和具有度量学习的3D卷积自动编码器，它们相互补充。DDCML可以在保持疾病特征的同时实现极高的尺寸压缩率（4,096: 1）。在不久的将来，我们将使用各种疾病病例来研究和验证我们的DDCML框架。

致谢

这项研究得到了教育，科学，体育和文化部基础研究资助（C）的部分资助
作者 编号：17K08033，2017–2020年。

数据	▼
参考文献	▼
关键词	▼
指标	▼
脚注	▼

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



关于IEEE *Xplore* | 联系我们 | 帮助 | 无障碍 | 使用条款 | 非歧视政策 | 网站导航 | 隐私权和退出Cookie
IEEE是一个非营利性组织，是世界上最大的技术专业组织，致力于为人民的利益而发展技术。

©版权所有2020 IEEE-保留所有权利。使用本网站表示您同意条款和条件。

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.