



(21) 申请号 201910892219.X

G06T 19/20 (2011.01)

(22) 申请日 2019.09.20

G06V 10/764 (2022.01)

(65) 同一申请的已公布的文献号

申请公布号 CN 110728685 A

(56) 对比文件

CN 107146228 A, 2017.09.08

CN 109472263 A, 2019.03.15

(43) 申请公布日 2020.01.24

CN 110148140 A, 2019.08.20

(73) 专利权人 东南大学

审查员 陈思

地址 210000 江苏省南京市玄武区四牌楼2号

(72) 发明人 孔佑勇 刘永帆 杜森 舒华忠

(74) 专利代理机构 南京经纬专利商标代理有限公司 32200

专利代理师 许方

(51) Int. Cl.

G06T 7/11 (2017.01)

G06T 7/44 (2017.01)

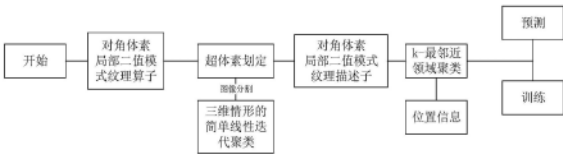
权利要求书3页 说明书9页 附图2页

(54) 发明名称

一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法

(57) 摘要

本发明公开了一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法,步骤如下所示:S1:对原始脑部磁共振扫描图像进行超体素聚类分割;S2:对超体素进行对角体素局部二值模式纹理特征提取;S3:根据所述对角体素局部二值模式纹理特征,以kNN为预测模型,进行特征匹配。本发明从三维的角度去整体地看待MRI数据,能够最大限度、高效地对有限的数据进行充分利用,从而可以很好地提取三维数据的特征,有效缓解MRI数据样本不足与机器学习需要大量训练数据的矛盾。



1. 一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法,其特征在于,所述脑组织分割方法具体包括如下步骤:

S1:原始脑部磁共振扫描图像通过改进后适应于三维图像的简单线性迭代聚类方法生成超体素;

S2:通过对角体素的局部二值模式方法,对所述超体素进行对角体素局部二值模式纹理特征提取,所述对角体素的局部二值模式方法包括对角体素局部二值模式算子和相对应的对角体素局部二值模式描述子;

S3:根据所述对角体素局部二值模式纹理特征,以kNN为预测模型,进行特征匹配,具体为:

将一维特征向量特征输入kNN模型中,并以所述超体素划分区域为单元,进行训练和特征匹配;

其中,在所述步骤S2中,对所述超体素进行对角体素局部二值模式纹理特征提取,具体如下:

S2.1:在所述原始脑部磁共振扫描图像的三维数据中选取一个 $3 \times 3 \times 3$ 大小的窗口,并根据所述窗口,获取所述对角体素局部二值模式算子;具体如下:

S2.1.1:以所述 $3 \times 3 \times 3$ 大小窗口中央的体素为参数,并在所述窗口内选取中央体素的8个对角处体素;

S2.1.2:以所述中央体素的灰度值作为阈值,确定出8个所述对角处体素的特征值,具体为:

$$c_i = \begin{cases} 1 & g_i \geq X \\ 0 & g_i < X \end{cases}$$

其中: c_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的特征值, g_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的灰度值, X 为窗口中央体素的灰度值;

S2.1.3:将8个所述对角处体素的特征值按照顺序进行排序,得到一个二进制编码,并将所述二进制编码转化为十进制数字,所述十进制数字即为中央体素处的纹理值,所述纹理值具体为:

$$texture = \sum_{i=1}^8 2^{c_i}$$

其中: c_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的特征值;

S2.1.4:将移动步长固定为1,移动所述窗口遍历整个原始脑部磁共振扫描图像的三维数据,获取除数据边缘体素之外的所有体素的纹理值,并根据除数据边缘体素之外的所有体素的纹理值构建纹理图,所述窗口内进行的所有工作即为对角体素局部二值模式算子;

S2.2:将基于所述原始脑部磁共振扫描图像的三维聚类分割的分割边界叠加在纹理图中,并将所述纹理图划分为不同区域,同时在每个所述区域中统计纹理图的灰度直方,获取一维的纹理灰度直方数据,所述一维纹理灰度直方数据即为一维特征向量,所述一维特征向量即为对应于对角体素局部二值模式算子的纹理描述子。

2. 根据权利要求1所述的一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法,其特征在于,在所述步骤S1中,所述原始脑部磁共振扫描图像通过改进后适应于三维图

像的简单线性迭代聚类方法生成超体素,具体如下:

S1.1:设置采样步长,并在所述原始脑部磁共振扫描图像的三维空间中以采样步长为间距,均匀设置K个采样点,并按照顺序对所有所述采样点和其对应的采样范围进行编号,所述采样步长具体为:

$$S = \sqrt[3]{\frac{abc}{K}}$$

其中:S为采样步长,K为采样点的数目,a为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的长度,b为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的宽度,c为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的高度;

S1.2:为所述原始脑部磁共振扫描图像中的每个体素均设置标签,所述标签包括:每个所述体素对应的采样范围和采样距离;

S1.3:根据相同采样范围内的所有体素分布,将所述采样范围对应的采样点的空间位置更新为所述采样范围内的所有体素的几何中心处,同时根据所述采样点更新前后在三维空间中的坐标,获取所述采样点更新前后的位移长度;

S1.4:根据所述采样点更新前后的位移长度,获取所有采样点的位移平均长度,并判断所述位移平均长度是否小于预设的规定值,若小于则执行下一步骤,反之则重复步骤S1.2-步骤S1.3,直至所述位移平均长度小于预设的规定值。

3.根据权利要求2所述的一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法,其特征在于,在所述步骤S1.2中,为所述原始脑部磁共振扫描图像中的每个体素均设置标签,具体如下:

S1.2.1:计算每个所述体素对应的采样距离,具体为:

$$D = \sqrt{d_c^2 + \left(\frac{d_s}{S}\right)^2 m^2}$$

$$\text{其中:} \begin{cases} d_c = v_j - v_i \\ d_s = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2 + (z_j - z_i)^2} \end{cases}$$

D为采样距离, d_c 为当前体素和采样点在灰度空间中的距离, v_j 为当前体素的灰度值, v_i 为采样点的灰度值, d_s 为当前体素和采样点之间的空间距离, x_j 为当前体素在三维空间中的x轴坐标, y_j 为当前体素在三维空间中的y轴坐标, z_j 为当前体素在三维空间中的z轴坐标, x_i 为采样点在三维空间中的x轴坐标, y_i 为采样点在三维空间中的y轴坐标, z_i 为采样点在三维空间中的z轴坐标,S为采样步长,m为调节灰度空间距离与空间距离之间权重的参数;

S1.2.2:对每个所述采样点附近 $2S \times 2S \times 2S$ 范围内的体素进行考察,计算出所述范围内的每个体素与当前采样点之间的采样距离,同时将每个所述体素获取的所有采样距离进行比较,从中选出最小采样距离,所述最小采样距离对应的采样点的采样范围即为所述体素对应的采样范围,所述最小采样距离即为所述体素对应的采样距离。

4.根据权利要求1所述的一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法,其特征在于,在所述步骤S2.1.1中,在所述窗口内8个对角处体素分别为:中央体素左后下方的体素、中央体素左后上方的体素、中央体素左前下方的体素、中央体素左前上方的体

素、中央体素右后下方的体素、中央体素右后上方的体素、中央体素右前下方的体素、中央体素右前上方的体素。

一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法

技术领域

[0001] 本发明涉及图像处理技术领域,尤其涉及一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法。

背景技术

[0002] 核磁共振图像(MRI)的脑组织提取是将核磁共振脑图像中的脑部组织与非脑组织分离,去除非脑组织,也被称为头骨剥离或全脑分割。脑组织的准确提取是神经图像处理中一个重要的步骤,对于疾病诊断与治疗、认知研究等具有重要意义,在脑磁共振图像分析中,脑组织提取(全脑分割)通常用于测量和可视化大脑的解剖结构,用于分析脑的变化,描绘病理区域,以及用于手术规划和图像引导的干预。

[0003] 在当前的研究中,一些研究人员依然趋向于将MRI获取的三维数据进行逐层切片,而后对二维的切片进行一些处理与研究。而事实上,这样做无疑会丢失三维数据中一个维度的信息,造成数据浪费,同时也会降低相关算法的效率。

[0004] 特征匹配时进行图像分割的常用手段,何种特征能够更好地刻画图像始终是机器视觉领域讨论的话题。在二维图像的处理过程中,通过局部二值模式(LBP)方式提取到的纹理特征被认为是一种可靠的图像特征,并且目前有广泛的应用。遗憾的是该方法及它的改进方法只适用于二维图像,而不能处理三维数据。

发明内容

[0005] 发明目的:针对传统LBP方法和其改进方法无法处理三维数据的问题,本发明提出一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法。

[0006] 技术方案:为实现本发明的目的,本发明所采用的技术方案是:

[0007] 一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法,所述脑组织分割方法具体包括如下步骤:

[0008] S1:原始脑部磁共振扫描图像通过改进后适应于三维图像的简单线性迭代聚类方法生成超体素;

[0009] S2:通过对角体素的局部二值模式方法,对所述超体素进行对角体素局部二值模式纹理特征提取,所述对角体素的局部二值模式方法包括对角体素局部二值模式算子和相对应的对角体素局部二值模式描述子;

[0010] S3:根据所述对角体素局部二值模式纹理特征,以kNN为预测模型,进行特征匹配,具体为:

[0011] 将一维特征向量特征输入kNN模型中,并以所述超体素划分区域为单元,进行训练和特征匹配。

[0012] 进一步地讲,在所述步骤S1中,所述原始脑部磁共振扫描图像通过改进后适应于三维图像的简单线性迭代聚类方法生成超体素,具体如下:

[0013] S1.1:设置采样步长,并在所述原始脑部磁共振扫描图像的三维空间中以采样步长为间距,均匀设置K个采样点,并按照顺序对所有所述采样点和其对应的采样范围进行编号,所述采样步长具体为:

$$[0014] \quad S = \sqrt[3]{\frac{abc}{K}}$$

[0015] 其中:S为采样步长,K为采样点的数目,a为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的长度,b为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的宽度,c为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的高度;

[0016] S1.2:为所述原始脑部磁共振扫描图像中的每个体素均设置标签,所述标签包括:每个所述体素对应的采样范围和采样距离。

[0017] S1.3:根据相同采样范围内的所有体素分布,将所述采样范围对应的采样点的空间位置更新为所述采样范围内的所有体素的几何中心处,同时根据所述采样点更新前后在三维空间中的坐标,获取所述采样点更新前后的位移长度;

[0018] S1.4:根据所述采样点更新前后的位移长度,获取所有采样点的位移平均长度,并判断所述位移平均长度是否小于预设的规定值,若小于则执行下一步骤,反之则重复步骤S1.2-步骤S1.3,直至所述位移平均长度小于预设的规定值。

[0019] 进一步地讲,在所述步骤S1.2中,为所述原始脑部磁共振扫描图像中的每个体素均设置标签,具体如下:

[0020] S1.2.1:计算每个所述体素对应的采样距离,具体为:

$$[0021] \quad D = \sqrt{d_c^2 + \left(\frac{d_s}{S}\right)^2 m^2}$$

$$[0022] \quad \text{其中:} \begin{cases} d_c = v_j - v_i \\ d_s = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2 + (z_j - z_i)^2} \end{cases}$$

[0023] D为采样距离, d_c 为当前体素和采样点在灰度空间中的距离, v_j 为当前体素的灰度值, v_i 为采样点的灰度值, d_s 为当前体素和采样点之间的空间距离, x_j 为当前体素在三维空间中的x轴坐标, y_j 为当前体素在三维空间中的y轴坐标, z_j 为当前体素在三维空间中的z轴坐标, x_i 为采样点在三维空间中的x轴坐标, y_i 为采样点在三维空间中的y轴坐标, z_i 为采样点在三维空间中的z轴坐标,S为采样步长,m为调节灰度空间距离与空间距离之间权重的参数;

[0024] S1.2.2:对每个所述采样点附近 $2S \times 2S \times 2S$ 范围内的体素进行考察,计算出所述范围内的每个体素与当前采样点之间的采样距离,同时将每个所述体素获取的所有采样距离进行比较,从中选出最小采样距离,所述最小采样距离对应的采样点的采样范围即为所述体素对应的采样范围,所述最小采样距离即为所述体素对应的采样距离。

[0025] 进一步地讲,在所述步骤S2中,对所述超体素进行对角体素局部二值模式纹理特征提取,具体如下:

[0026] S2.1:在所述原始脑部磁共振扫描图像的三维数据中选取一个 $3 \times 3 \times 3$ 大小的窗口,并根据所述窗口,获取所述对角体素局部二值模式算子;

[0027] S2.2:将基于所述原始脑部磁共振扫描图像的三维聚类分割的分割边界叠加在纹理图中,并将所述纹理图划分为不同区域,同时在每个所述区域中统计纹理图的灰度直方,获取一维的纹理灰度直方数据,所述一维纹理灰度直方数据即为一维特征向量,所述一维特征向量即为对应于对角体素局部二值模式算子的纹理描述子。

[0028] 进一步地讲,在所述步骤S2.1中,获取所述对角体素局部二值模式算子,具体如下:

[0029] S2.1.1:以所述 $3 \times 3 \times 3$ 大小窗口中央的体素为参数,并在所述窗口内选取中央体素的8个对角处体素;

[0030] S2.1.2:以所述中央体素的灰度值作为阈值,确定出8个所述对角处体素的特征值,具体为:

$$[0031] \quad c_i = \begin{cases} 1 & g_i \geq X \\ 0 & g_i < X \end{cases}$$

[0032] 其中: c_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的特征值, g_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的灰度值, X 为窗口中央体素的灰度值;

[0033] S2.1.3:将8个所述对角处体素的特征值按照顺序进行排序,得到一个二进制编码,并将所述二进制编码转化为十进制数字,所述十进制数字即为中央体素处的纹理值,所述纹理值具体为:

$$[0034] \quad texture = \sum_{i=1}^8 2^{c_i}$$

[0035] 其中: c_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的特征值;

[0036] S2.1.4:将移动步长固定为1,移动所述窗口遍历整个原始脑部磁共振扫描图像的三维数据,获取除数据边缘体素之外的所有体素的纹理值,并根据除数据边缘体素之外的所有体素的纹理值构建纹理图,所述窗口内进行的所有工作即为对角体素局部二值模式算子。

[0037] 进一步地讲,在所述步骤S2.1.1中,在所述窗口内8个对角处体素分别为:中央体素左后下方的体素、中央体素左后上方的体素、中央体素左前下方的体素、中央体素左前上方的体素、中央体素右后下方的体素、中央体素右后上方的体素、中央体素右前下方的体素、中央体素右前上方的体素。

[0038] 有益效果:与现有技术相比,本发明的技术方案具有以下有益技术效果:

[0039] (1)本发明从三维的角度去整体地看待MRI数据,能够最大限度、高效地对有限的数据进行充分利用,从而可以很好地提取三维数据的特征,有效缓解MRI数据样本不足与机器学习需要大量训练数据的矛盾;

[0040] (2)本发明仅通过15组样本的训练,就可达到约80%准确率的预测结果,不仅运算效率较高,可在短时间内生成模型,满足用户需求,同时准确率也能够得到保障。

附图说明

[0041] 图1是本发明的脑组织分割方法的流程示意图;

[0042] 图2是本发明的对角体素的局部二值模式算子的示意图;

[0043] 图3是本发明的对角体素局部二值模式纹理提取方法与图像灰度特征联合工作的

流程示意图；

[0044] 图4是本发明的对角体素局部二值模式纹理提取方法单独使用的流程示意图。

具体实施方式

[0045] 为使本发明实施例的目的、技术方案和优点更加清楚，下面将结合本发明实施例中的附图，对本发明实施例中的技术方案进行清楚、完整地描述。其中，所描述的实施例是本发明一部分实施例，而不是全部的实施例。因此，以下对在附图中提供的本发明的实施例的详细描述并非旨在限制要求保护的本发明的范围，而是仅仅表示本发明的选定实施例。

[0046] 实施例1

[0047] 参考图1和图3，本实施例提供了一种基于对角体素的局部二值模式纹理算子的脑组织分割方法，具体包括如下步骤：

[0048] 步骤S1：对原始脑部磁共振扫描图像MRI进行超体素聚类分割，即通过改进后适应于三维图像的简单线性迭代聚类方法生成超体素。具体如下：

[0049] 步骤S1.1：设置采样步长S，并在原始脑部磁共振扫描图像MRI的三维空间中以采样步长S为间距，均匀设置K个采样点，并使K个采样点在原始脑部磁共振扫描图像MRI的各处均有分布，同时对K个采样点按照从1到K的顺序进行排序。并将每个采样点附近的区域称为该采样点的采样范围，且根据采样点对应的序号，对该采样点的采样范围也进行标号，即采样点i对应采样范围i。值得注意的是，每个采样点也为原始脑部磁共振扫描图像MRI中的体素。

[0050] 在本实施例中，采样步长S由原始脑部磁共振扫描图像MRI在三维空间中的尺寸和采样点的数目共同决定，具体为：

$$[0051] \quad S = \sqrt[3]{\frac{abc}{K}}$$

[0052] 其中：S为采样步长，K为采样点的数目，a为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的长度，b为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的宽度，c为原始脑部磁共振扫描图像在三维空间中的高度。

[0053] 具体地讲，采样点的数目K的具体大小根据用户需求进行选择。

[0054] 步骤S1.2：为原始脑部磁共振扫描图像MRI中的每个体素均设置标签，标签包括：每个体素对应的采样范围i和采样距离D。其中每个体素对应的采样范围i根据体素与采样点之间的距离进行确定，即体素与哪个采样点之间的采样距离最小，则该体素对应的采样范围i即为采样距离最小的采样点的采样范围。具体如下：

[0055] 步骤S1.2.1：计算每个体素对应的采样距离，即体素与选择的采样点之间的距离，具体为：

$$[0056] \quad D = \sqrt{d_c^2 + \left(\frac{d_s}{S}\right)^2 m^2}$$

$$[0057] \quad \text{其中：} \begin{cases} d_c = v_j - v_i \\ d_s = \sqrt{(x_j - x_i)^2 + (y_j - y_i)^2 + (z_j - z_i)^2} \end{cases}$$

[0058] D 为采样距离, d_c 为当前体素和采样点在灰度空间中的距离, v_j 为当前体素的灰度值, v_i 为采样点的灰度值, d_s 为当前体素和采样点之间的空间距离, x_j 为当前体素在三维空间中的x轴坐标, y_j 为当前体素在三维空间中的y轴坐标, z_j 为当前体素在三维空间中的z轴坐标, x_i 为采样点在三维空间中的x轴坐标, y_i 为采样点在三维空间中的y轴坐标, z_i 为采样点在三维空间中的z轴坐标, S 为采样步长, m 为调节灰度空间距离与空间距离之间权重的参数。

[0059] 具体地讲, 由于采样点自身也为体素, 从而采样点处的体素和采样点之间的采样距离为0。

[0060] 步骤S1.2.2: 对每个采样点附近 $2S \times 2S \times 2S$ 范围内的体素进行考察, 计算出 $2S \times 2S \times 2S$ 范围中每个体素与当前采样点之间的采样距离。在所有采样点附近 $2S \times 2S \times 2S$ 范围内的体素均进行考察后, 将每个体素获取的所有采样距离进行比较, 从中选出最小采样距离, 该最小采样距离对应的采样点 i 的采样范围即为该体素对应的采样范围 i , 该最小采样距离即为该体素的对应的采样距离 D 。

[0061] 具体地讲, 每个体素的初始采样距离均为无穷大, 但随着比较和更新, 采样距离 D 将会逐渐变为一个确切的值。当计算得到的采样距离小于当前体素的采样距离时, 则将采样距离更新为较小值, 并将所属采样范围 i 更新为当前采样点对应的采样范围。

[0062] 步骤S1.3: 根据每个体素设置的标签, 更新采样点的空间位置, 并计算采样点更新前后的位移长度 L 。即根据相同采样范围的体素分布, 更新采样范围对应的采样点的空间位置, 使得采样点位于具有该采样范围的所有体素的几何中心处。同时根据采样点更新前后在三维空间中的坐标, 即可获取该采样点更新前后的位移长度 L 。

[0063] 步骤S1.4: 根据每个采样点更新前后的位移长度 L , 获取所有采样点的位移平均长度 \hat{L} , 并判断位移平均长度 \hat{L} 是否小于预设的规定值, 若小于则表明该聚类过程已趋于收敛, 可以执行下一步骤。

[0064] 若不小于, 则重复步骤S1.2-步骤S1.3, 直至所有采样点的位移平均长度 \hat{L} 小于预设的规定值。

[0065] 在本实施例中, 预设的规定值的大小取决于用户对收敛精度的要求, 即收敛精度越高, 则预设的规定值就越小。

[0066] 此时每个体素都有了各自对应的采样范围 i , 且相同的采样范围是联通的, 从而对原始脑部磁共振扫描图像的三维聚类分割完成。

[0067] 步骤S2: 通过对角体素的局部二值模式方法, 对超体素进行对角体素局部二值模式纹理特征提取。其中对角体素的局部二值模式方法包括对角体素局部二值模式算子和与其相对应的对角体素局部二值模式描述子。具体如下:

[0068] 步骤S2.1: 对原始脑部磁共振扫描图像MRI中所有的体素进行选取, 即在原始脑部磁共振扫描图像MRI的三维数据中选取一个 $3 \times 3 \times 3$ 大小的窗口, 并根据该窗口, 获取对角体素局部二值模式算子。具体地讲, 在该窗口内完成的工作即为对角体素局部二值模式算子。其中 $3 \times 3 \times 3$ 大小的窗口中共包含有27个体素。获取对角体素局部二值模式算子, 具体如下:

[0069] 步骤S2.1.1: 以选取的 $3 \times 3 \times 3$ 大小窗口中央的体素为参数, 在 $3 \times 3 \times 3$ 大小窗口内, 选取该中央体素的8个对角处体素。具体地讲, 选取的8个对角处体素即为: 左后下方的

体素、左后上方的体素、左前下方的体素、左前上方的体素、右后下方的体素、右后上方的体素、右前下方的体素、右前上方的体素。

[0070] 步骤S2.1.2:将窗口中央体素的灰度值作为阈值,确定出选取的8个对角处体素的特征值,具体为:

$$[0071] \quad c_i = \begin{cases} 1 & g_i \geq X \\ 0 & g_i < X \end{cases}$$

[0072] 其中: c_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的特征值, g_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的灰度值, X 为窗口中央体素的灰度值。

[0073] 步骤S2.1.3:将8个对角处体素的特征值按照自身序号进行排序,即按照 c_1-c_8 的顺序进行排序。其中编码顺序并不是固定不变的,但是在同一个实验中编码顺序需要保持一致。

[0074] 将8个对角处体素的特征值按照一定顺序进行排序,可以得到一个二进制编码,在获取了二进制编码后,需要将该二进制编码转化为十进制数字,该十进制数字即为步骤S2.1中选取的窗口中央体素处的纹理值。

[0075] 在本实施例中,纹理值的具体表达如下式所示:

$$[0076] \quad texture = \sum_{i=1}^8 2^{c_i}$$

[0077] 其中: c_i 为8个对角处体素中第 i 个体素的特征值。

[0078] 参考图2,以图2中的数值为例,在图2中中央体素的灰度值为16,其8个对角处体素的灰度值分别为:7、33、23、24、8、11、14、12。其中大于等于16的灰度值对应的对角处体素的特征值取1,小于16的灰度值对应的对角处体素的特征值取0,从而得到的二进制编码为:01110000。进而中央体素的纹理值为112。

[0079] 步骤S2.1.4:移动步骤S2.1中选取的 $3 \times 3 \times 3$ 窗口,并将移动步长固定为1,且遍历整个原始脑部磁共振扫描图像MRI的三维数据,从而可以使除了位于数据边缘体素之外的所有体素均具有纹理值。同时可以根据获取得到的所有纹理值,构建一个比原三维数据的三维尺寸均小1个体素的纹理图。

[0080] 具体地讲,若是为边缘体素给予特定的纹理值,则可以得到与原三维数据的三维尺寸等大的纹理图。其中边缘体素给予的特定纹理值可以为0或255,也可以根据用户的实际需求进行选择。

[0081] 其中在选取的 $3 \times 3 \times 3$ 窗口内进行的所有工作即为对角体素局部二值模式算子。

[0082] 步骤S2.2:通过获取得到的对角体素局部二值模式算子,获取与其相对应的对角体素局部二值模式描述子。即将基于原始脑部磁共振扫描图像MRI的三维聚类分割的分割边界叠加在步骤S2.1.4中得到的纹理图中,并将纹理图划分为不同区域。同时在每一个划分区域内,统计纹理图的灰度直方,获取得到一维的纹理灰度直方数据,该一维纹理灰度直方数据也为一维特征向量,该一维特征向量即为对应于对角体素局部二值模式算子的纹理描述子。

[0083] 步骤S3:根据步骤S2中的对角体素局部二值模式纹理特征,以k-Nearest Neighbors即kNN为预测模型,进行特征匹配。具体为:

[0084] 将步骤S2.2中得到的一维特征向量特征输入kNN模型中,并以超体素划分区域为单元,进行训练和特征匹配。kNN模型根据各超体素区域的特征向量对不同的超体素区域进行区分和归类,并标记相应的标签。凡是在当前超体素区域内的体素,都会获得与所属超体素区域相同的标签,即将训练得到的各区域标签分配至该区域内的体素。从而完成对三维MRI数据的体素级别分割。

[0085] 在本实施例中,核磁共振图像MRI数据的特征可总结为:单体数据量大,训练集数据量小。而将超体素与kNN进行巧妙结合,可以将两者存在的问题进行相互弥补。从而在选择预测模型时,选择kNN为预测模型。

[0086] 同时在数据集极为有限的情况下,需要慎重考虑训练集的构成。若以一个三维数据为一个样本,如采样步长S的计算公式所示,显然是不足以训练任何机器学习模型的。但是由于三维数据包含数以万计的体素,从而使得一组数据中超体素的数量也是可以满足用户需求的。

[0087] 若以一个超体素为一个训练样本,如采样距离D的计算公式所示,则将进行大量的训练,且数据集中每一个核磁共振图像MRI三维数据彼此是相似的,而每一个核磁共振图像MRI三维数据中的超体素又是不相似的。

[0088] 当数据集中核磁共振图像MRI三维数据的编号为常数时, SV_{kl} 表示一个核磁共振图像MRI三维数据的所有超体素,当核磁共振图像MRI三维数据中的超体素的编号为常数时, SV_{kl} 之间则没有过多的关联。从而在将一个核磁共振图像MRI三维数据的所有超体素 SV_{kl} 作为训练集的元素时,需要对其做一些标识,以防kNN预测模型在训练的过程中产生混淆。该标识具体为:

$$[0089] \quad \begin{cases} TrainSet1 = \{DATA_k\} \\ TrainSet2 = \{SV_{kl}\} \end{cases}$$

[0090] 其中: $DATA_k$ 为数据集中每一个核磁共振图像的三维数据, SV 为超体素, k 为数据集中核磁共振图像数据的编号, l 为核磁共振图像超体素的编号。

[0091] 在本实施例中,由于处理的对象是大脑核磁共振图像数据MRI,从而大多数数据都是相似的。也就是说,在不同的核磁共振图像MRI数据中,相同区域的数据表现是大致相同的。从而在训练的第一步,超体素聚类中心的空间特征显得非常重要。机器将通过空间特征来判断哪些超体素应该具有相似的特征,进而避免全局的混淆。

[0092] 值得注意的是,对角体素局部二值模式纹理特征提取方法既可以独立使用,也可以与灰度特征等联合使用,从而会衍生出一系列算法系统。这些算法系统甚至不需要完全完成附图4中的全部路径,只需要通过左半边的路径完成工作,或是只通过右半边,当然完成所有路径也是可以的。在本实施例中,提出了3组算法,分别为:

[0093] HIST:仅以每个超体素内的灰度特征为训练对象,只包含左半部分步骤。

[0094] LBPd:仅提取对角体素局部二值模式纹理特征,然后以超体素为分界进行训练,只包含右半部分步骤。

[0095] HIS_LBPd:联合对角体素局部二值模式纹理特征和超体素内的灰度特征进行训练,包含全部步骤。

[0096] 将上述所设计基于对角体素局部二值模式纹理提取方法的MRI脑组织分割算法系

统,用于实际应用过程当中,下面以IBSR18数据集数据为例,来验证本实验中基于对角体素的局部二值模式纹理算子对大脑磁共振图像脑组织提取的实施。

[0097] 实验条件:选取一台计算机进行实验,编程平台为:Matlab2017a。

[0098] 实验数据为IBSR18数据集的大脑磁共振图像。互联网脑分割库提供手动引导的专家分割结果以及磁共振脑图像数据。IBSR数据集由来自健康受试者的18个真实MRI数据组成。数据集由 $256 \times 256 \times 128$ 个体积为 2mm^3 的体素组成。数据集带有由专家标注的关于灰质GM、白质WM和脊液CSF正确标签图。

[0099] 将18组数据进行随机划分,取15组数据为训练集,3组数据为测试集。7组实验基于相同的数据集划分进行。

[0100] 为了检验本实施例对脑部磁共振图像的分割精度,采用DSC系数作为评价指标,具体为:

$$[0101] \quad DSC = \frac{2TP}{2TP + FP + FN}$$

[0102] 其中:TP为本实施例中分割出的脑组织区域与专家手工分割模板的重叠区域,FP为本实施例中分割出的脑组织但不属于专家手工分割模板的区域,FN为在专家手工分割模板中为脑组织但本实施例中未分割出来的区域。

[0103] DSC系数是一种集合相似度度量函数,通常用于计算两个样本的相似度。这里用来度量本实施例中的神经网络提取的脑组织区域与真实结果之间的相似程度。同时在本实施例中还采用SA作为辅助表示,SA可以表示预测结果和实际结果之间的重复度,具体为:

$$[0104] \quad SA = \frac{TP}{TP + FN}$$

[0105] 其中:TP为本实施例中分割出的脑组织区域与专家手工分割模板的重叠区域,FN为在专家手工分割模板中为脑组织但本实施例中未分割出来的区域。

[0106] 由于测试集有3组,从而最后以三组结果的平均值和方差为评价标准。最终实验结果如下表1所示:

[0107] 表1各算法对MRI分割的结果(准确率%)

		DSC				Avg(SA)	Var(SA)*
		CSF	WM	GM	Avg(DSC)		
[0108]	HIST	53.70	77.23	56.14	62.36	70.66	8.31
	LBPd	41.56	83.01	78.30	67.62	78.63	0.81
	HIS_LBPd	53.67	78.83	60.57	64.36	72.66	8.39

[0109] 在表1中,Avg(SA)表示平均值,单位为%。Var(SA)表示方差,但是单位不为%。

[0110] 通过表1,可以证明:对角体素局部二值模式纹理特征提取方法具有较好的预测效果,且整体好于单独通过灰度特征进行提取的结果。同时对角体素局部二值模式纹理特征提取方法单独工作的结果为同系列最好,且方差也是最小的,说明其鲁棒性也是最好的。

[0111] 以上示意性的对本发明及其实施方式进行了描述,该描述没有限制性,附图中所示的也只是本发明的实施方式之一,实际的结构和方法并不局限于此。所以,如果本领域的

普通技术人员受其启示,在不脱离本发明创造宗旨的情况下,不经创造性的设计出与该技术方案相似的结构方式及实施例,均属于本发明的保护范围。

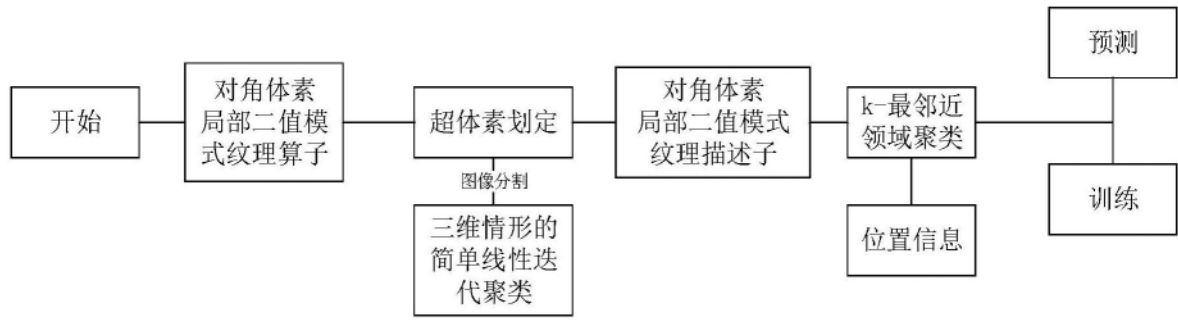


图1

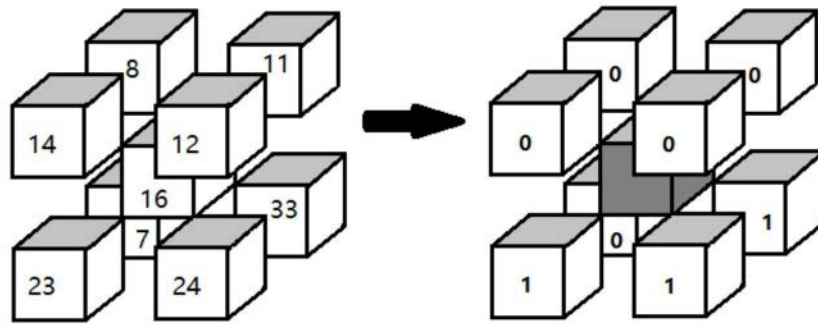


图2

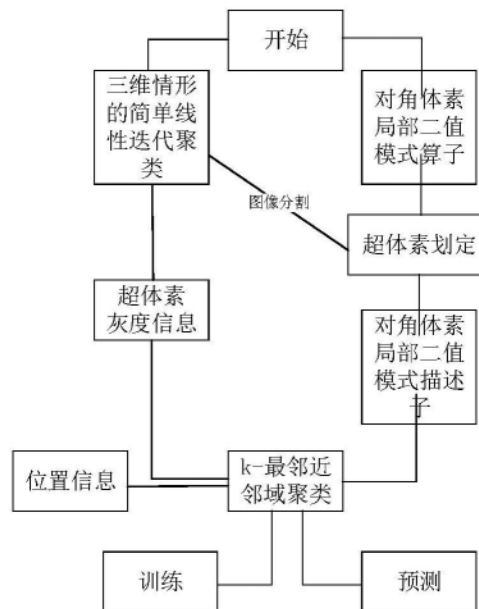


图3

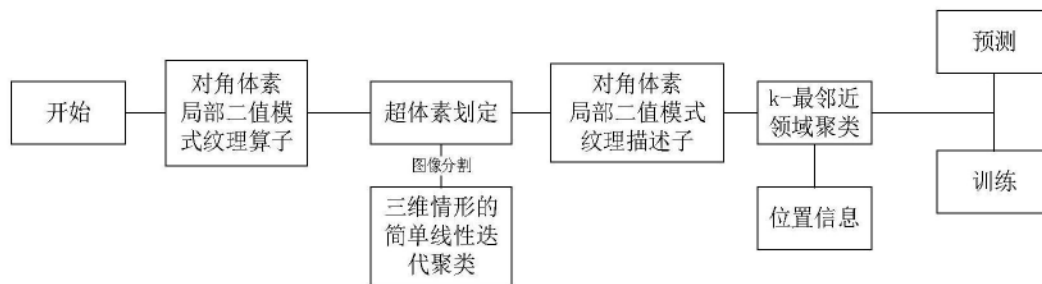


图4